

Sequences in the *Env* Alignment
HIV2/SIV ENV

COMMON NAME	LOCUS	ACC #	FIRST AUTHOR	REFERENCE
SUBTYPE A:				
ROD	HIV2ROD	M15390	Clavel,F.	Nature 324, 691 (1986)
NIHZ	HIV2NIHZ	J03654	Zagury,J.F.	PNAS 85, 5941 (1988)
885	HIV885ENV	M80207	Nerrienet,E.	Unpublished (1992)
ALI	HIV2ENVB	L25445	Costa Taveira,N.	ARHR 10, 223 (1994)
ISY	HIV2ISY	J04498	Franchini,G.	PNAS 86, 2433 (1989)
ST	HIV2ST	M31113	Kumar,P.	JVI 64, 890 (1990)
BEN	HIV2BEN	M30502	Kirchhoff,F.	Virology 177, 305 (1990)
D194	HIVD194	J04542	Kuehnel,H.	PNAS 86, 2383 (1989)
CAM2	HIV2CAM2	D00835	Tristem,M.	J. Gen. Virol. 72, 721 (1991)
CAM2BR	HIV2U05354	U05354	Tristem,M.	J. Gen. Virol. 72, 721 (1991)
D1024	HIV2U07104	U07104	Grez,M.	JVI 68, 2161 (1994)
D766	HIV2U07106	U07106	Grez,M.	JVI 68, 2161 (1994)
D808	HIV2U07107	U07107	Grez,M.	JVI 68, 2161 (1994)
D868	HIV2U07108	U07108	Grez,M.	JVI 68, 2161 (1994)
GH1	HIV2GH1	M30895	Hasegawa,A.	ARHR 5, 593 (1989)
CBL21	HIV2U05350	U05350	Breuer,J.	Unpublished
CBL22	HIV2U05351	U05351	Breuer,J.	Unpublished
CBL23	HIV2U05352	U05352	Breuer,J.	Unpublished
CBL24	HIV2U05353	U05353	Breuer,J.	Unpublished
MDS	HIV2MDS	Z48731	Becker,M.	Unpublished
CAM1	HIV2U05359	U05359	Breuer,J.	Unpublished
CAM3	HIV2U05355	U05355	Breuer,J.	Unpublished
CAM4	HIV2U05356	U05356	Breuer,J.	Unpublished
CAM5	HIV2U05357	U05357	Breuer,J.	Unpublished
CAM6	HIV2U05358	U05358	Breuer,J.	Unpublished
KR	HIV2U22047	U22047	Kraus,G.K.	PNAS 90, 4226 (1993)
D1071	HIV2U07105	U07105	Grez,M.	JVI 68, 2161 (1994)
UC2	HIV2UC2	U38293	Barnett,S.W.	Unpublished
UC3	HIV2UC3	U38294	Barnett,S.W.	Unpublished
UC5	HIV2UC5	U38295	Barnett,S.	Unpublished
UC6	HIV2UC6	U38296	Barnett,S.W.	Unpublished
UC7	HIV2UC7	U38297	Barnett,S.	Unpublished
UC8	HIV2UC8	U38298	Barnett,S.W.	Unpublished
UC9	HIV2UC9	U38299	Barnett,S.	Unpublished
UC10	HIV2UC10	U38300	Barnett,S.W.	Unpublished
UC11	HIV2UC11	U38301	Barnett,S.	Unpublished
UC12	HIV2UC12	U38302	Barnett,S.W.	Unpublished
UC14	HIV2UC14	U38303	Barnett,S.	Unpublished
5132E2	HIV25132E1	L16963	Gao,F.	ARHR 9, 703 (1993)
FA	HIVFAE	L33095	Gao,F.	JVI 68, 7433 (1994)
GB1222	HIV2GB122A	L10637	Otten,R.A.	AIDS 8, 297 (1994)
CI171	HIV2ENV1	X78505	Cuoto-Fernandez,J.C.	ARHR 10, 1289 (1994)
CI9	HIV2ENV2	X78506	Cuoto-Fernandez,J.C.	ARHR 10, 1157 (1994)
ISO53	HIV2ENV3	X78507	Cuoto-Fernandez,J.C.	ARHR 10, 1157 (1994)
VI390	HIV2ENV6	X78510	Cuoto-Fernandez,J.C.	ARHR 10, 1157 (1994)
VI905	HIV2ENV7	X78511	Cuoto-Fernandez,J.C.	ARHR 10, 1157- (1994)

HIV2/SIV ENV

SUBTYPE B:

UC1	HIV2UC1GNM	L07625	Barnett,S.W.	JVI 67, 1006 (1993)
D205	HIVTRENGE	X61240	Kreutz,R.	ARHR 8, 1619 (1992)
EHOA	HIV2EHOA	L14545	Rey-Cuille,M.A.	Virology 202, 471 (1994)
GH2	HIVENVA	D10458	Kawamura,M.	Virology 188, 850 (1992)
JA	HIVJAE	L33096	Gao,F.	JVI 68, 7433 (1994)
ON	HIVONE	L33097	Gao,F.	JVI 68, 7433 (1994)

SUBTYPE C:

2238	HIV2ENVB10	M87118	Gao,F.	Nature 358, 495 (1992)
------	------------	--------	--------	------------------------

SUBTYPE D:

F0784	HIVFORTC3	M87112	Gao,F.	Nature 358, 495 (1992)
-------	-----------	--------	--------	------------------------

SUBTYPE SD:

MM251	SIVMM251	M19499	Franchini,G.	Nature 328, 539 (1987)
MM32H	SIVMM32H	D01065	Rud,E.W.	J. Gen. Virol. 75, 529 (1994)
MM1A11	SIV1A11AA	M76764	Luciw,P.A.	ARHR 8: 395 (1992)
MM132ZL	SIVMM132ZL	L22809	Kodama,T.	JVI 67, 6522 (1993)
MM316ZQ	SIVMM316ZQ	L22814	Kodama,T.	JVI 67, 6522 (1993)
MM142	SIVMM142	M16403	Chakrabarti,L.	Nature 328, 543 (1987)
MNE	SIVMNE	M32741	Benveniste,R.E.	Unpublished (1990)
MNELN11	SIU06277	U06277	Chackerian,B.	JVI 68, 4080 (1994)
MNESPL1	SIU06352	U06352	Chackerian,B.	JVI 68, 4080 (1994)
MNELIV2	SIU06377	U06377	Chackerian,B.	JVI 68 , 4080 (1994)
MM18101	SIU19595	U19595	Lane,T.E.	Virology 212 (2), 458 (1995)
MM239	SIVMM239	M33262	Regier,D.A.	ARHR 6, 1221 (1990)
SEGA	SIVSEGA	L26938	Kodama,T.	Unpublished (1994)
SEGE	SIVSEGE	L26942	Kodama,T.	Unpublished (1994)
SEGJ	SIVSEGJ	L26947	Kodama,T.	Unpublished (1994)
7FBE2	SIU18019	U18019	Zhu,G.W.	JVI (1995) In press
7FLG1	SIU18023	U18023	Zhu,G.W.	JVI (1995) In press
7FLN1	SIU18028	U18028	Zhu,G.W.	JVI (1995) In press
7FSE1	SIU18034	U18034	Zhu,G.W.	JVI (1995) In press
PHTBE1	SIU18039	U18039	Zhu,G.W.	JVI (1995) In press
PHTLG1	SIU18046	U18046	Zhu,G.W.	JVI (1995) In press
P209C19	SIVP209C19	L20008	Hynes,N.A.	ARHR 9, 803 (1993)
P209C15	SIVP209C15	L20009	Hynes,N.A.	ARHR 9, 803 (1993)
SMMPBJ	SIVSMPBJA	M31325	Dewhurst,S.	Nature 345, 636 (1990)
SMMH9	SIVGAGAB	M80194	Courgaud,V.	JVI 66, 414 (1992)
SMMH4	SIVSMMH4	X14307	Hirsch,V.M.	Nature 339, 389 (1989)
SM62A	SIU04982	U04982	Hirsch,V.M.	JVI 68, 2649 (1994)
SMMB670	SIVENV	M90048	Mullins,J.I.	Unpublished (1992)
HUMB670	S67406	S67406	Khabbaz,R.F.	N. Engl. J. Med. 330, 172 (1994)

SUBTYPE STM:

STM	SIVSTM	M83293	Novembre,F.J.	Virology 186, 783 (1992)
STMAK3	MASIVENV	X60668	Khan,A.S.	J. Med. Primatol. 20, 167 (1991)

HYBRIDS:

BA_7312A	HIV7312AE	L33094	Gao,F.	JVI 68, 7433 (1994)
----------	-----------	--------	--------	---------------------

SUBTYPE U:

SMCI2	SIVENV4	X78508	Cuoto-Fernandez,J.C.	ARHR 10, 1289 (1994)
SMCI8	SIVENV5	X78509	Cuoto-Fernandez,J.C.	ARHR 10, 1157 (1994)

CONSENSUS-A	ATG??g?gtggtaggaatCagCTgcttatTgccatttTactAaCtAGtgctTgCtTaatAtatTGca???	64
ROD	-----T-----T-G-----G-----CC.	60
NIHZ	---AA-G--A--A----A----G----T----G----A-C----C----AG.	69
ALI	---AT-TC-A----A----G-A-T-C----G----G----T-AA.	69
ISY	---...A----AA-T----G----T-C-G----CC.	66
ST	---...T----A-AT-G----GC-G-G----GTC.	66
BEN	---GA-CC-----T-G----T-----A-----G-----T-GC.	69
D194	---GA-CC-----G-----T-----AA.	69
CAM2	---GA-C----C-A----C----G-----GA.	69
CAM2BR	---GG-T----C-A----C----G-----AA.	69
D1024	---.....G-GC-----A-----C-----GA.	60
D766	---ACAC--A--A--GC-----T-----AA.	69
D808	---GC-CCCCAA-A-C-----T-----TGAA.	69
D868	---GC-C--AA----C----AA----C----G-----G-----CAA.	69
GH1	---...T----A-G-TA-ATG-G----GC-G-G----A-G-----CC.	66
CBL21	---...T-A----TA-A-G----GC-G-G----AT-----CC.	66
CBL22	---...A----AA-T----G----G-----G-----CC.	66
CBL23	---AT-G----A----G----G-G-A-----G-----CC.	69
CBL24	---...T----C-A----A----G-A-T-C-C----G-C-C-G-----CC.	66
MDS	---AC-C-CAAA-T-C-----AAC	70
CAM1	---GC-TA-AAA----A-----AAC	70
CAM3	---AC-C-CAAAG-----T-----G-----C-A-----GG.	69
CAM4	---GC-T----AA-GC-----C-----G-----A-CA-----C-TGCC.	69
CAM5	---AC-T-----G-----A-----G-C-----AG.	69
CAM6	---GGTC--AAA-----A-----A-----C-----AA.	69
KR	---GAT...A----A----AA-G-----GCC.	66
UC2	---GA-CC-----GC-T-----T-----A-----AA.	69
CONSENSUS-B	ATGGCACAt?tTAgcAatcaCCTgctTaTT?cgCTCCTgCTTATAaGTaTCtaTGGGTtT?TggGtaA??	65
UC1	-----CAC-----T-----TT-----A-----G-----C-----C-TA	70
D205	-----T-T-----GC-G-----C-G-----G-----AG-----G-AT-----A.	69
EHOA	-----G-----AT-----T-----A-G-A-A-----A-A-----C-G.	69
CONSENSUS-SD	ATGGGaTGTCTTGGgAaTCAGCTGCTTATcGcCaTCTtGcTttAAAGTgtcTatggGATCtaTTGtacT.	69
MM251	-----.	69
MM32H	-----C-----.	69
MM1A11	-----.	69
MM316ZQ	-----.	69
MM132ZL	-----.	69
MM239	-----.	69
MM142	-----T-----A-----C-----T-----T-----T.	69
SEGA	-----T-----.	69
SEGE	-----T-----T-----.	69
SEGJ	-----.	69
7FBE2	-----.	69
7FLG1	-----.	69
7FLN1	-----.	69
7FSE1	-----.	69
MNE	-----T-C-----C-----C-T-.	69
PHTBE1	-----.	69
PHTLG1	-----.	69
P209C19	-----GC-----AG-----CT-TAAA-----T-----GT-.	69
P209C15	-----GC-----AG-----CT-TA-----T-----GT-.	69
SMMPBJ	-----GC-----A-----CT-CA-----T-----GT-.	69
SMMH9	-----GC-----C-A-Y-----CT-CA-----T-----GT-.	69
SMMH4	-----GC-----AG-----T-TA-A-----T-G-----GT-.	69
SM62A	-----GC-----AG-----T-TA-A-----T-G-----GT-.	69
SMMB670	-----GC-----A-----CT-CA-----T-----GT-.	69
CONSENSUS-STM	ATGCCCTGCCCTGAAATCAACTGCTTATCGCTATCTTGTATTAAAGTGTGCTTGACCTATTGCACT.	69
STM	-----.	69

HIV2/SIV ENV

CONSENSUS-A	?????cAatatGTgACtGTtTtcTAAtGgcaTaCCcgcgTGGAgAAATGCAtCcATtCCcTctTtTGT..	127
ROD-A-----G-----A-----A-----A.....	123
NIHZ-T-----C-----G-----A-----A-----G.....	132
ALI-T-----G-G-----A-----A-----A.....	132
ISYA-----AG-----T-----A-----A.....	129
ST-G-G-----T.....	129
BEN-G-----A-----T-----T-A-----A.....	132
D194-T-----A-----T-----A.....	132
CAM2	..CAA-----G-----A.....	135
CAM2BR	..CAA-----G-----A.....	135
D1024-C-A-----C-----G-----G-----G.....	123
D766-A-C-----A.....	132
D808-A-----C-----G.....	132
D868-A-----AG.....	132
GH1-G-G-----T.....	129
CBL21-G-----G-G-----A-----C.....	129
CBL22-AG-----G-----C-----C.....	129
CBL23-A-T.....	132
CBL24-A.....	129
MDS	CACAA-----A-----G-----C.....	138
CAM1	GCAAA-----A-----G.....	138
CAM3	..CAA--G-----A-----T-----A.....	135
CAM4-A-A-----G-----T-----T.....	132
CAM5-A-----G-----T-----C.....	132
CAM6-A-A-----T-----G.....	132
KR-AG.....	129
UC2-C-----G-----T-----T-C-----A.....	132
CONSENSUS-B	?????aAcTaTGTcACTGTCTTCTATGGcATACCcGCATGGAgAAcGCAaCagTTCCcCTCtTtTGT..	128
UC1	AGAAA-----T-----G-----T-----C.....	138
D205-C-A-----T-----A.....	132
EHOA-T-----T-----AA-----T-----A.....	132
CONSENSUS-SDCtATATGTcACaGTcTTtTATGGTgTACCAAGCTGGAgGAATGCGACAA TTCCCCTCTTtTgt?	132
MM251-A.....	132
MM32H-A.....	132
MM1A11-G.....	132
MM316ZQ	132
MM132ZL	132
MM239	132
MM142-A.....	132
SEGA	132
SEGE	132
SEGJ-A.....	132
7FBE2	132
7FLG1	132
7FLN1	132
7FSE1	132
MNE-A.....	132
PHTBE1	132
PHTLG1	132
P209C19-A-----A-----A-C-----A-----A-----C.....	132
P209C15-A-----A-----A-C-----A-----A-----C-CT.....	132
SMMPBJ-A-----A-----A-C-----A-----A-----G-----C.....	132
SMMH9-A-----A-----A-C-----A-----A-----G-----C.....	132
SMMH4-A-----A-----A-C-----A-----A-----C.....	132
SM62A-A-----A-----A-C-----A-----A-----C.....	132
SMMB670-A-----A-----A-C-----A-----A-----G-----C.....	132
CONSENSUS-STMCA GT AT GT C A CG GT AT TTT AT GG GT ACC ACC AT GG AG GA AT GG G AC G AT T C C C T C T T C T G T ..	132
STM	132

CONSENSUS-A	.GCAACcAaaAAtAGaGAtACTGGGGaACCATaCAGTGCTtgCCaGACAATGATGAtTAtcAgGAaaTA	196
ROD	.-----G-----G-----T-----	192
NIHZ	.-----A-----A-----	201
ALI	.-----A-----	201
ISY	.-----T-----A--G--	198
ST	.-----T-----C-----	198
BEN	.-----T-----C-----G-----	201
D194	.-----G-----C-----	201
CAM2	.-----T-----G-----T-----A-----G-----	204
CAM2BR	.-----T-----G-----T-----A-----G-----	204
D1024	.-----G-----G-----A-----C-----	192
D766	.-----C-----G-----C-----	201
D808	.-----G-----G-----C-----	201
D868	.-----G-----G-----	201
GH1	.-----T-----C-----AA-----A-----	198
CBL21	.-----T-----	198
CBL22	.-----	198
CBL23	.-----G-----G-----	201
CBL24	.-----G-----A-----	198
MDS	.-----G-----G-A-----	207
CAM1	.-----T-----G-----C-----	207
CAM3	.-----	204
CAM4	.-----T-----C-G-----C-A-----	201
CAM5	.-----	201
CAM6	.-----T-----	201
KR	.-----G-----	198
UC2	.-----G-----	201
CONSENSUS-B	.GCaACCAcAAACAGaGAtACCTGGGAACTGTACAgTGcCTCCCAGAcAATGgtGAcTAcACcGAgATC	197
UC1	.-----G-----G-T-----	207
D205	.-----C-----T-----T-----	201
EHOA	.-----T-----G-----A-----T-----A-----T-----A-----	201
CONSENSUS-SD	.GcAaCCaagAATAGgGAtACTTGGGAACaACTCAgTGccTaCCAGATAATggTGATTatTCAGAatTG	201
MM251	.-----	201
MM32H	.-----G-----	201
MM1A11	.-----	201
MM316ZQ	.-----	201
MM132ZL	.-----G-----A-----	201
MM239	.-----	201
MM142	.-----	201
SEGA	.-----G-----T-----A-----	201
SEGE	.-----	201
SEGJ	.-----G-----	201
7FBE2	.-----	201
7FLG1	.-----	201
7FLN1	.-----	201
7FSE1	.-----G-----	201
MNE	.-T-----G-----A-----	201
PHTBE1	.-----	201
PHTLG1	.-----	201
P209C19	.-----G-----C-----A-A---T-G-----AA-----C-----	201
P209C15	.-----G-----C-----A-A---T-G-----A-----C-----	201
SMMPBJ	.-----C-----A-A---T-G-----C-----	201
SMMH9	.-----GA-----C-A-A---T-G-----C-----	201
SMMH4	.-----C-----A-A---T-G-----A-----C-----	201
SM62A	.-----G-----C-----A-A---T-G-----A-----C-----	201
SMMB670	.-----	201
CONSENSUS-STM	.GCAACCAAGAATAGGATACTTGGGAAACAACtCAATGCTACCAAGACAATGGTATTACTCAGAATTG	201
STM	.-----	201

HIV2/SIV ENV

CONSENSUS-A	?cttTaAATGTgACAGAgGCtTTGAtGCATGG???	gAtAATAcAgTaACAGAaCAAGCAaTaGAaGATG	262
ROD	A-----G-----A-----A-----	259
885	G-----	C-----.	62
NIHZ	A---C-----	-C-----A-----	268
ALI	G-----	C-----.	268
ISY	C---G-----A-----	C-----.	265
ST	G-----C-C-C-----A-----	265
BEN	AT-----A-----	268
D194	A-C-----A-----	268
CAM2	C-----	C-----A-----	271
CAM2BR	C-----A-----	271
D1024	G-C-G-----A-C-----	259
D766	A-----G-----A-C-----	268
D808	G-----A-----C-----A-C-----	268
D868	G-----G-----C-----A-C-----	268
GH1	A-C-G-----	-C-C-----	265
CBL21	G-----G-----C-----C----------G-G-----	265
CBL22	A-----A-----C-----	265
CBL23	A-----G-----C-----	268
CBL24	G-----C-C-----	265
MDS	G-----G-----G-----	274
CAM1	C-C-----	C-----A-----	274
CAM3	T-C-G-----A-----	271
CAM4	C-----A-----A-----	268
CAM5	G-----T-----C-----	AATA-----C-----G-----G-----	271
CAM6	C-----G-----C-----	268
KR	C-----	C-----A-C-----	265
UC2	C-----A-----	268
CONSENSUS-B	ag??TAAAtATAACAGAGGCTTTGATGCATGG..	gATAATACAGTgACAgAaCAGGCAgtAgAtGATG	262
UC1	--TG-----A-----A-----	274
D205	--GC---C-----	268
EHOA	CAAT-----T-----AC-A-G-----	268
CONSENSUS-SD	GCccTtAATgTtACAGAaagcTTTGATGCcTGG..	gAtAATAcAGTCACAGAACAgGCAaTaGAGGAtG	268
MM251	-----T-----G-----	268
MM32H	-----C-----G-----	268
MM1A11	-----T-----G-----A-----	268
MM316ZQ	-----A-----	268
MM132ZL	-----A-----	268
MM239	-----A-----	268
MM142	-----T-----G-----C-----	268
SEGA	-----	268
SEGE	-----	268
SEGJ	-----A-----	268
7FBE2	-----A-----	268
7FLG1	-----	268
7FLN1	-----	268
7FSE1	-----A-----	268
MNE	-----A-----	T-----G-----	268
PHTBE1	-----	268
PHTLG1	-----T-----	268
P209C19	--AG-C---A-C-----GGCT-----T-----A-----A-----	268
P209C15	--AG-C---A-C-----GGCT-----T-----A-----A-----	268
SMMPBJ	--AA-----C-----GGCT-----T-----A-----	268
SMMH9	--AA-----C-----GGCT-----T-----A-----	268
SMMH4	--AA-C---C-----GGCT-----T-----A-----	268
SM62A	--AG-C---A-C-----GGCT-----T-----A-----A-----	268
SMMB670	--A-A-----A-----A-C-----	268
CONSENSUS-STM	GCAATAATGTCACAGAGGCTTTGATGCCTGG..	GACAATAcAGTCACAGAACAGCAATAGAGGATG	268
STM	-----	-----	268

CONSENSUS-A	TCTGGaatCTaTTtGAGACATCaatAaAaCCATGtGTCAAatTaACaCCttTaTGTgTagcaATGaa?TG	331
ROD	-----C-----C-----C-----A--	329
885	-----G-----C-----C-----C-----GA--	132
NIHZ	-----C-----C-----C-----C-----C--	338
ALI	-----GA-----G-----A-----G--	338
ISY	-----G-----G-----A-----C--	335
ST	-----G-----C-----C-----CGT--	335
BEN	-----C-----GC-----C-----G-----T--	338
D194	-----GA-G-----G-G-G-CC-----G-G-----T--	338
CAM2	-----C-----A-----A--	341
CAM2BR	-----C-----A-----A--	341
D1024	-----C-----C-----CA--	329
D766	-----C-----C-----T--	338
D808	-----C-----C-----T--	338
D868	-----C-----C-----T--	338
GH1	-----G-----C-----C-----GT--	335
CBL21	-----G-----C-----C-G-----A-----T--	335
CBL22	-----C-----C-----C--	335
CBL23	-----G-----GA--	338
CBL24	-----G-----C-----A--	335
MDS	-----G-----C-----C-----C--	344
CAM1	-----G-----C-----A--	344
CAM3	-----G-----C-----A--	341
CAM4	-----G-----GC-----A--	338
CAM5	-----C-----G-----G-C-----A-AA---G-A--	341
CAM6	-----G-----C-----T--	338
KR	-----G-----C-----GCA---G-A--	335
D1071	-----G-----CA--	8
UC2	-----GG-----G-----G-----C-----G-----T--	338
CONSENSUS-B	TGTGGAGtCTcTTTGAAACCTCcATAAAACCATGTGTtAAacTaACcCcAATGTGtGTGgCAATGAA?TG	331
UC1	-----T-----G-G-G-----C-----GA--	344
D205	-----A-----C-----C--	338
EHOA	-----G-----A-----T-----A-----G--	338
CONSENSUS-SD	TaTGGcAaCTcTTTGAAGACcTCaATaAAgCCTGTGTAaAtTatCCCCatTaTGcATtaCtATGAgATG	338
MM251	-----	338
MM32H	-----	338
MM1A11	-----A-----	338
MM316ZQ	-----	338
MM132ZL	-----	338
MM239	-----	338
MM142	-----	338
MM18101	-----	47
SEGA	-----G-----A--	338
SEGE	-----T-----	338
SEGJ	-----C-----	338
7FBE2	-----G-----	338
7FLG1	-----	338
7FLN1	-----G-----	338
7FSE1	-----	338
MNE	-----A-----A--	338
MNELN11	-----A-----A--	44
MNESPL1	-----A-----A--	29
MNELIV2	-----A-----A--	44
PHTBE1	-----	338
PHTLG1	-----	338
P209C19	-G---A-C-----A-A-C-T-----C-----C-CA-----C-----T-----AG-A-----	338
P209C15	-G---A-C-----A-A-C-T-----C-----C-CA-----C-----T-----AG-A-----	338
SMMPB1J	-A-C-----A-A-C-T-----C-----C-CA-----C-----T-----A-----G--	338
SMMH9	-A-C-----A-A-C-T-----C-----C-CA-----C-----T-----A-----G--	338
SMMH4	-G---A-C-----A-A-C-T-----C-----C-CA-----C-----T-----AG-A-----	338
SM62A	-G---A-C-----A-A-C-T-----C-----C-CA-----C-----T-----AG-A-----	338
HUMB670	-----	8
SMMB670	-----A-T-----T-----A-C-----GA-----C-G-----C-----	338
CONSENSUS-STM	TCTGGAACCTTTGAAACATCCATTAAACCTGTGAAATTGACTCCACTATGTATTGCAATGAGGTG	338
STM	-----	338

HIV2/SIV ENV

CONSENSUS-A	ta??a?????????????????????g?AAca?aAc?aca?????a??ac?acc?????????????	351
ROD	C-GC-GCACAGAGCAGCACA.....G-G---AC--A-C.....TCA-AG-G.....	375
885	-.....GC-C-T.....AC-AC--A.....	154
NIHZ	--CA.....A-G---TG--C---TGGACAGGG-GG--A.....	372
ALI	--GC.....T--GC---GAGAGC-CA--C--A.....	369
ISY	-.....GC--GT--GAGAGCGCAGTTG-A.....	363
ST	-.....GC-A--TGCAAAA-AC--A.....	363
BEN	--GC-GGGTTCAA.....G-G---T-CC--G---CCGAATCCC-GG-----	381
D194	-.....T-T---TT---GGGACT-CCG-G-----	366
CAM2	-.....T--GT---AGTGAC-CA--T-TG.....	369
CAM2BR	-.....T--GT---AGTGAC-CA--T-TG.....	369
D1024	C-GG-AAAGCACT.....G-C---C-GT-----GGG-A-----	363
D766	C-GC-AAAACAGT.....G-C---C-GT---GGGAGT-CA--C--A.....	381
D808	C-GC-AAAATAT.....AAT-----C-GT--GGG...AC--A-----	378
D868	C-GC-AGGACAGT.....A-C-----C-GT--GGG...AC--AC-----	378
GH1	-.....GC-C--T.....AC-AC--A.....	357
CBL21	-.....CAACTATG.....AAA-----T--GC---ACTGCG-GAC-----	372
CBL22	--CC-AAACAAGG.....A-G-----TG-T-T-GCCAG-GC-TA-----	378
CBL23	-.....AC--AGATGCAAGG-AC--A-----	366
CBL24	-.....AT--A.....GCC-A--CCAGAGGGGAA	366
MDS	--GC-GACTCAGTGACAGCGCAAGCACAA-G-C-----ACG-C--GCAGCCACAACC	408
CAM1	-GAT.....G-C---T--A-GTACAGGG-AC--A-----	378
CAM3	-.....AC-ACAGAGTAGT-AC--AG-T.....	369
CAM4	C-AG-GGATGACA.....G-G---C---GCCACC-CAG-C-G-----	381
CAM5	--AA-AATTA.....G-G---GC---C---CTCTCA-AT-AA-----	381
CAM6	--GC-GATCCAGACCC.....A-T-----GC-A.....GGA-ATGTA-----ACA	381
KR	--AC-GCACAAAGTACAGAGAGC.....A-T---GC--A-----	369
D1071	C-GC-AAAACAGT.....G-C-----C-GT-T-GGAAGC-CA--C--A-----	51
UC2	--ATCCAGTTACA.....G-G---T-AC--C-----ATG-C--A...GCCAACCA	381
CONSENSUS-B	TAaTAA?AC?ggaAcc?????....??aat?c?a?t.....	351
UC1	-.....C--A-----A-T-C-----	369
D205	--G--A--C-A--AAACCCA.....GGG---G-C-G-----	372
EHOA	-.....G--GT-G-G-TCA.....	357
CONSENSUS-SD	cAAAtAAaAgtGAgacAGAtAga.....TGGGGa...TTgACAAAatca??a.....?????????	379
MM251	-.....TC-----	381
MM32H	-.....A-----TT-----	381
MM1A11	-.....TC-----	381
MM316ZQ	-.....AT-----	381
MM132ZL	-.....AT-----	381
MM239	-.....AT-----	381
MM142	-.....A-----TC-----	381
MM18101	-.....TC-----	90
SEGA	-.....AT-----	381
SEGE	-.....AT-----	381
SEGJ	-.....C-----AT-----	381
7FBE2	-.....A-----AT-----	381
7FLG1	-.....AT-----	381
7FLN1	-.....AT-----	381
7FSE1	-.....T-----AT-----	381
MNE	-.....C-----A-----TC-----	381
MNELN11	-.....C-----A-----TC-----	87
MNESPL1	-.....C-----A-----TC-----	72
MNELIV2	-.....C-----A-----TC-----	87
PHTBE1	-.....AT-----	381
PHTLG1	-.....T-AT-----	381
P209C19	T-----C-----G.....T.....G-GCCGC-----	381
P209C15	T-----C-----G.....T.....G-GCCGC-----	381
SMMPB1J	T-----C-----T.....A---GG-A--CC-----GCACCAACA	390
SMMH9	T-----M---MC-----T.....A---GG-----GSACCAGCA	384
SMMH4	T-----C-----G.....T.....GG-AACGC-----	381
SM62A	T-----C-----AG.....T.....GG-AACGC-----	381
HUMB670	-.....G-CA--A--C-A-----G-----A---GGGAATGC-----	51
SMMB670	-.....G-CA--A--C-A-----G-----A---GGGAATGT-----	381
CONSENSUS-STM	TAATAAGAATGAAACAGACAAA.....TGGGGa...TTGACAGGGAAAACA.....	381
STM	-.....	381

CONSENSUS-A	????????????????ac????ac?cc?ac????.....??a??g????????tgaTAatG	370
RODACAAGCACAAC--AACC--A--C--AGAC.....CAGGAGCAAGA-----G--	424
885--CACA--AAGG-ACACA.....ATAGAGA-----	188
NIHZGACACC.....CAA-ATATCACA...A-T-----	400
ALITCCCCGAGCCCAGGGAGC--A-TC-AACCC.....C-----	409
ISYACT--AAGCC-AT-TGGACCT.....GAT.....A-----	397
STTCCACAC-AACA--CA-C--AAC.....GCA-ACACAACA.....----GGA-	406
BENTCGAGTTCCACA--CTCG-GA--AC-CACA.....TCC-CAGCCTCCA-A-----	433
D194-G-GTCCA.....CCA-ACATTACA...A-A---G---	397
CAM2ATAAGG.....AACC--A-C-GCAC.....GCT-AA-AGGCA...CCA---G--	415
CAM2BRATAAGG.....AACC--A-C-GCAC.....GCT-AA-AGGCA...CCA---G--	415
D1024GCAACC--ATCC--A-C...ATG.....ATA-AT-AGACCTCTA-A-----	409
D766-CG-A.....CCATATCCA-----	406
D808-A-C--A.....-CCGAATCCA-----	406
D868-AT-C--A.....-CCTCTTATG-T-----	406
GH1ACCACAAACAGGGAGC--AA-AGGGATG.....TCA.....GA-----	397
CBL21-AA-CGGGATC.....TCG-ATACAGAAAGTA-AC---A-	409
CBL22-AACT.....GCA-AG-CAGTA...G-----	406
CBL23ACACCCACAAACAG-ATCCC-G-GT--A.....ATA-AACCCGTGACAGA-----G--	418
CBL24GCACAAGCCACGTCC--AACTG-TG-T--A.....GCA-CA-GGGCAATGGA-----	421
MDSACAATCAGAGGCCACA--CATAG-A--A-GG.....-ACACAAAC...-----G--	454
CAM1-ATCC--TAGAG-ACGC.....ATC-CA...TCGGAGGAA-----G-	418
CAM3-AGAG-GC--AG-CAAA.....TCC-TG-AGATAAATGA-----	412
CAM4-A-A--CCTG.....TTA-AT-ACACAAACCC-AC-----	415
CAM5-A-C--ATCC.....TCT-CC-CAAATCTAGC---G--	415
CAM6ACCATA...CCCTCA--CACAG-CG-A--CACC.....ACACCC-GGATGACAG-----	436
KRAGTGAGGGG-GCACAGTC--A.....GAGA-AT---C-----	403
D1071-CA-AGAC.....-CAGCCATGG-----	79
UC2	ACCGCAGCCAGACCA--CACC-AC--TT-A.....TACCTTACCA-A-----	430
CONSENSUS-B	?cta?????a?tActAC?aC?actac??CtaCta?cacaTCt??t?????cagAac?tacTcAACG		397
UC1A--AACCT-T----AC-T-T--TA-----AAC---A.....G-A---T-----		427
D205-G---C-C---AGC---C-C---CG---GGG-T---AACGA-T---		427
EHOAG---GCAAAGAG--C--T--GT-CT-CG-GT-CCT--G---TC-ACT...-----C-C-----		421
CONSENSUS-SD	???acaacaacAgcA?cAacaaca?caacaACgcA?cagca????????aaAgttagAcaTggTcaAtG		434
MM251-T-A--A-G---G-C---T-----C---T-TCA...GAA--A-----		445
MM32H-C---G---C-G---GG-----T--AA-----A-----		436
MM1A11-CA-G-G-C-AAGG---TGT-GA-AA-----A-A---A-----		436
MM316ZQ-T-----T-----G-----T-----		439
MM132ZL-T-----T-----G-----T-----		439
MM239-T-----T-----G-----T-----		439
MM142-T-----A-----A-G--AA-TCAGTAGAG-C-AG-----A-----		448
MM18101-T-----C---G-----T-----		148
SEGAC---G-----C---G-----T-----		439
SEGEC-----T-----T-----G-----T-----		439
SEGJC-----C-----T-----G-----T-----		439
7FBE2-C-----T-----G-----T-----		439
7FLG1-C-----G-----A-----		430
7FLN1-C-----T-----G-----T-----		439
7FSE1-T-----A-----G-----T-----		439
MNE-C-----G-----AT-C-----AA-G---AG.....GC-A--A-AG-----	439
MNELN11-C-----A-----T-----AA-A--AG.....GC-A--A-AG-----	145
MNESPL1-C-----AT-T-----AG-G---AG.....GC-A--A-AG-----	130
MNELIV2-C-----A-----T-----A-A---AG.....GC-A--A-AG-----C-	145
PHTBE1-A-C-----G-----T-----		433
PHTLG1-T-----G-----T-----		433
P209C19	GAG-----A-----C-G--GG-----C-AGT-G------A-A-GG-TA-A-----	442
P209C15	GAG-----A-----C-G--GG-----C-AGT-G------A-A-GG-TA-A-----	442
SMMPBj	ACA---CA---A-A---CA-G-T---A-C-A--TCACCAATA-C-C-A-GG-T-A-----		460
SMMH9	CCA---CA-A-T---A-C-C-T-C-AT------T-C-A-GG-T-A-----	445
SMMH4	GGG-----A-G---T-----A---G-A-C---AGT-----GTAGC--A-A-TG-TA-A-----	445
SM62A	...-GG---G--AA-A-T-----A-----A-GT-----CCAAGTGTAC-C-A-A-TG-TA-A-----		448
HUMB670	ATA-----A-----G-G-C-T-----AG-A--CCAAAAGTA-C-C-A--G-T-A-----		121
SMMB670	...C-----A-GT-C-----G-----C-T--AA--A------C-C-A-TG-T-A-----	439
CONSENSUS-STM	...GTAACAAACAGTGCACCAACAGCAGCAGCAGCAACA.....AAGCCAGAGTTAGTAAATG	439
STM		439

HIV2/SIV ENV

CONSENSUS-A	Agact??????tctccatgcatacgc?cagACAacTGctCa???GgatT?ggggagGAagagatggTcaa	429
ROD	--GA-.....A-----GC----G-----G-A-----A-C-A----	485
885	-A-----T-----A-A-----A-----G-----A-----A-----A-	249
NIHZ	-C-----C-AT...GCG-TG-----A-----AAA-----A-A-G-	458
ALI	--GC.....GA-----AAGG-----C-CAGG---C-A-----T-----	473
ISY	-T-----GA-----AATTGA-----T-----C-GA-----C-----G-	458
ST	--A-----T-----A-----A-----G-G-A-A-----G-----G-	467
BEN	-A-----AAC-----GAAAACA--CA--G-----A-T-T-G-----A-GC-	494
D194	-A-A-----A-C-T-G-GACA-----A-----A-A-----G-----TG-	458
CAM2	-C-A-----T-----A-A-----A-----A-A-----A-----A-----A-	476
CAM2BR	-C-AATTCCCT--C-T-----G-A-----A-----A-----A-----A-----G	482
D1024	--C.....A-----A-----GA-----A-----G-----G-----G	470
D766	--C.....A-----AA-----AA-----A-----G-----G-----G	467
D808	--AC-----T-----G-A-----G-AA-----A-----A-----G	467
D868	--C-----T-----A-A-----C-----GA-----A-----A-----G	467
GH1	-A-----T-----A-----G-----G-----A-----A-----A-----A	455
CBL21	--A-----T-----A-A-----C-TG-----A-A-C-----CA-----G-	470
CBL22	-T-----GA-----AAAA-A-----TA-----C-G-----A-----C-A-----	467
CBL23	--A-----CT-----G-A-----G-----A-----A-----G-----G	479
CBL24	-----G-----A-----A-----T-----A-----A-----C-----A-----TC	482
MDS	--A-----G-----C-----A-----A-----G-----A-----G-----	515
CAM1	--A-----T-----A-TG-----C-----GAA-----T-----	479
CAM3	-A-----G-----A-----AAA-----A-----G-----A-----G-----	473
CAM4	--G-----AG-A-----G-G-----A-----G-----AA-----G-----T-----A-GG-	476
CAM5	-T-A-----A-----AAAAT-----C-C-----A-A-----T-----T-----C	476
CAM6	-----G-----TG-----G-----ACA-----AG-----G-----G-----	497
KR	-A-----A-T-----AC-AACA-----G-----AT-----A-----AGT-----G-A-----G-----	464
D1071	--C-----A-----G-----A-----GA-----A-----C-A-----G-----	140
UC2	-A-G-----A-C-TG-----G-----T-----A-----G-----C-----G-----T-----	491
CONSENSUS-B	Aaaca.....agcccATGtATTaaAAAATGACAgCTGc?Ca...GGaaTAGGActAGAagAaAtaaT?gA	456
UC1	-C-----T-----C-----C-G-----A-----C-C-G-T-----	488
D205	-----GA-----C-A-----A-----A-----C-----GA-----G-----GC-----	488
EHOA	--GAT-----AA-----C-----TG-----G-----G-----G-----A-----	482
CONSENSUS-SD	Agact.....agTtCtTGtaTAgc?ca?gATAaTTGcaCA...GGCtTgGaaCaaGAgCaaATgaTAaG	493
MM251	-----T-----GA-----.	506
MM32H	-----A-T-----T-----.	497
MM1A11	-----TT-----T-----.	497
MM316ZQ	-----C-G-----G-----.	500
MM132ZL	-----C-G-----G-----.	500
MM239	-----C-G-----.	500
MM142	-----C-----G-----TT-----T-----.	509
MM18101	-----A-T-----T-----.	209
SEGA	-----C-----C-G-----.	500
SEGE	-----C-G-----.	500
SEGJ	-----C-G-----.	500
7FBE2	-----C-----G-----.	500
7FLG1	-----C-----G-----.	491
7FLN1	-----C-----G-----.	500
7FSE1	-----C-----G-----.	500
MNE	-----A-----C-----AAT-----T-----.	500
MNELN11	-----G-----C-----AAT-----T-----.	206
MNESPL1	-----G-----C-----AAT-----T-----.	191
MNELIV2	-----G-----AAT-----T-----.	206
PHTBE1	-----C-----G-----.	494
PHTLG1	-----G-C-----C-----G-----.	494
P209C19	-AGG-----GA-C-----C-----AGAA-TA-----G-----TG-----G-----CC-----G-----	503
P209C15	-AGG-----GA-C-----C-----AGAA-TA-----G-----TG-----G-----CC-----G-----	503
SMMPBJ	-C-G-----GA-C-----AAAATTA-----T-----.	521
SMMH9	-C-G-----GA-C-----AGAAGTA-----T-----.	506
SMMH4	-A-G-----A-C-----C-----AAAA-TA-----G-----TG-----G-----CC-----G-----	506
SM62A	-A-G-----A-C-----C-----AAAG-TA-----G-----TG-----G-----CC-----G-----	509
HUMB670	-A-----G-----AAAA-CA-----T-----A-G-----G-A-C-----G-----	182
SMMB670	-A-----G-----AAAA-CA-----T-----A-G-----CG-----A-C-----G-----	500
CONSENSUS-STM	AAACA.....AGCTCCTGTGTAAGTAACAACACTGCACA...GGCTTGGAAAGAAGAATCACTAGTAGG	500
STM	-----.	500

CONSENSUS-A	tTGtcagTTcaatATGacaGGatTagagagaGAtaAgaaaaaacagTAtAatGAaaCaTGGTAcTcaaaa	499
ROD	-----C-----A-----	555
885	-----G-----A-C-----	319
NIHZ	C-----T-G-----C-G-----C-G-----	528
ALI	-----G-----C-----C-----CC-----	543
ISY	G-----C-----TT-----G-----C-----	528
ST	C-----G-----TA-----	537
BEN	A---G-----AG-G-----ACA-----GGAG-----G-C-----T-T-G-----	564
D194	G-----G-----G-GC-----ACA-----GGA-----CG-----G-----	528
CAM2	G-----C-----A-----C-----GC-----	546
CAM2BR	G-----C-----A-----C-----GC-----	552
D1024	-----C-----CC-----GG-----G-----GT-----	540
D766	-----G-----AC-----CC-----AG-----GT-----	537
D808	-----G-----CC-----ACCG-----TG-----CGC-----	537
D868	-----G-----CA-----CC-----AG-----GT-----	537
GH1	-----T-----	525
CBL21	-----G-----G-----T-----CC-----GC-----G-C-----GC-----	540
CBL22	-----A-----G-----A-----G-----G-----G-G-----	537
CBL23	-----G-----C-A-----TA-----G-----G-----	549
CBL24	-----G-----C-A-----TA-----G-----G-----	552
MDS	G-----A-----C-T-----C-----GC-----	585
CAM1	G-----A-----A-----C-----C-----C-----C-----	549
CAM3	-----C-----C-----G-G-----C-T-----C-----	543
CAM4	G-----T-----G-C-----C-GT-----GAGA-----	546
CAM5	-----T-----CACT-----CC-----AG-----C-----	546
CAM6	G-----G-----G-----CC-----C-G-----	567
KR	-----G-----C-C-ACT-----CC-C-G-A-----G-----G-----	534
D1071	-----G-----AC-----ACC-----AGA-----GC-----	210
UC2	-----A-----G-C-G-----ACA-----T-----GGG-----C-C-----G-T-----	561
CONSENSUS-B	cTGT?A?TTtAa?ATGACaGGAcTAAGAAGAGATGAG?AAAACAATATAAGGAGACACCTGGTAc?aA?AA	519
UC1	-----T-C-----C-----AA-----G-A-----	558
D205	A---A-T---GT---G-----CT-----A-----TC-G-----	558
EHOA	-----C-A-C-A-----T-----A-----TC-----TA-C-----	552
CONSENSUS-SD	cTGTAaTTcAaCATGACAGGGTTaAaAGagaCaagaaaaaaagAgtacaatgaaaacttgtactctgca	563
MM251	-----C-----C-G-----A-----	576
MM32H	-----C-----C-G-----A-----	567
MM1A11	-----	567
MM316ZQ	-----G-----A-----	570
MM132ZL	-----G-----	570
MM239	-----	570
MM142	-----G-----	579
MM18101	-----G-----G-----A-----	279
SEGA	-----G-----A-----	570
SEGE	-----G-----	570
SEGJ	-----G-----	570
7FBE2	-----G-----	570
7FLG1	-----	561
7FLN1	-----G-----	570
7FSE1	-----G-----G-----	570
MNE	-----G-G-----	570
MNELN11	-----G-G-----	276
MNESPL1	-----G-G-----	261
MNELIV2	-----G-G-----	276
PHTBE1	-----G-----	564
PHTLG1	-----G-----	564
P209C19	T-----T-----G-----GA-GG-----A-T-----A-----T-----AAG-----	573
P209C15	T-----T-----G-----GA-GG-----A-T-----A-----T-----AAG-----	573
SMMPBj	T-----T-----A-G-G-----A-T-----A-----T-----AAG-----	591
SMMH9	T-----T-----A-G-G-----A-T-----A-----T-----AAG-----	576
SMMH4	T-----T-----T-G-----A-G-----A-T-----A-----T-----AAG-----	576
SM62A	T-----T-----G-----A-G-T-----A-T-----A-----T-----AAG-----	579
HUMB670	-----T-----G-----A-G-----A-----	228
SMMB670	-----T-----G-----AC-G-----A-T-----A-----T-----AA-----	570
CONSENSUS-STM	TTGTAAATTCAATATGACAGGACTAAAAAGAGATAAAAAGAGAGTACAATGAAACGTGGTACTCTAGC	570
STM	-----	570

HIV2/SIV ENV

CONSENSUS-A	GAtGTgGTtTGtcaa?ca?????????????Aata?cacc????????????????????aa?caga	530
ROD	-----GA--AAT.....-----G--A.....-----T-----	592
885	-----A-----T-----CG-----GGAGATGGGA-AG	359
NIHZ	-----C.....-----A-----TCA-GT-----	562
ALI	-----C-TT.....-----C-C-----ACA-C-----	583
ISY	-----T-GAT.....-----C-G-A.....-----G-C-GA-	565
ST	-----A-C-----T-----GA-----AAG--AG--	574
BEN	-----C.....-----C-CA-A.....-----GCTGGC-	595
D194	-----CAAGACA.....-----CGGA-A.....-----GGC-	562
CAM2	-----T.....-----G-A.....-----GATCAGACCACA--TG--	589
CAM2BR	-----T.....-----G-A.....-----GATCAGACCACA--TG--	595
D1024	-----C-----A-GAAACA.....-----A-----TCA-C-----	583
D766	-----A-ACAGGAGCAACT--C-C-T-A.....-----C-G	583
D808	-----AATAAC.....-----CCCA-----A-----	571
D868	-----GG--ACAGGAACA.....-----GA-----TTA-C-----	583
GH1	-----A-----T-----AT-----AAAGATGGGA-A-	565
CBL21	-----A-----T-GAGTACAAGTGTG-CG-G-AA.....-----ACAAATTGGACAG	592
CBL22	-----T-GGTACAAGT.....-----C-A-A.....-----C-	580
CBL23	-----A-----GG-----GG-----ACAG	580
CBL24	-----CAGCACACCAGGT.....-----C-G-A.....-----C-	595
MDS	-----G-GA-ATG.....-----A-----ACA-C-A-	625
CAM1	-----CA-C-AATGGA.....-----G-----ACA-C-----	592
CAM3	-----G-GAT.....-----A-----TCAAGCAAGAGTAAC-CCTCA-	595
CAM4	-----A-----CA-----A-----AACACAAATAAGACTGAC--T-----	598
CAM5	-----A-----T-----C-G-A.....-----C-A-	577
CAM6	-----AA-GCG.....-----GG-----TCAG-CC	604
KR	-----A-----CA-ACT.....-----GGG-----AGCC	568
D1071	-----T-----CG-CCAACT.....-----C-C-T-AAACCAGACCTCAAATAACACCTCAG-C-----	274
UC2	-----CAGCACA.....-----C-AG-A.....-----GGCACACAC-----	604
CONSENSUS-B	GATTTAGaGTGt?a?????????????g?AAtaa?AcC.....?????????a?ca	544
UC1	-----CA-C.....-----G-C-C-GC-----G-----	589
D205	-----T-----T-----AGGAAGTAT-C-----	592
EHOA	-----T-----G-AAAGGGGACAAGGA-T-----G-A-G-----	591
CONSENSUS-SD	gatttggt?tgtgaacaa???????gggaataacact.....g?taatgaaa	601
MM251	-----T-----G-----A-----	616
MM32H	-----T-----G-----A-----	607
MM1A11	-----A-----G-----G-----	607
MM316ZQ	-----A-----G-----G-----	610
MM132ZL	-----A-----G-----	610
MM239	-----A-----G-----	610
MM142	-----T-----G-----G-----	619
MM18101	-----T-----G-----A-----	319
SEGA	-----A-----C-----G-----	610
SEGE	-----A-----C-----G-G-----	610
SEGJ	-----A-----C-----A-----	610
7FBE2	-----A-----T-----G-----C-----	610
7FLG1	-----A-----G-----G-----	601
7FLN1	-----A-----G-----	610
7FSE1	-----A-----G-----	610
MNE	-----T-----T-G-----AA-----	610
MNELN11	-----T-----T-G-G-----AA-----	316
MNESPL1	-----T-----T-G-----AA-----	301
MNELIV2	-----T-----T-G-----AA-----	316
PHTBE1	-----A-----G-----	604
PHTLG1	-----A-----G-----	604
P209C19	-----AA-C-----G-GTCAGCAAAT.....-----GTGAG.....-----G-	616
P209C15	-----AA-C-----G-GTCAGCAAAT.....-----GTG-A.....-----G-	616
SMMPBj	-----A-T-----AAT.....-----A-C-G-A-----C-----	628
SMMH9	-----A-G-----AATAGCAAT-----A-G-A-----C-----	619
SMMH4	-----AA-C-----G-GTCA.....-----C-G-A-G-----G-----	613
SM62A	-----C-AA-C-----G-GTCA.....-----C-----AA-G-G-----	616
HUMB670	-----AA-A-----CT-A-----AA-G-----	228
SMMB670	-----AA-A-----CT-A-----AA-G-----	607
CONSENSUS-STM	GATCTAATCTGTGAACAA.....-----AATGTCACT.....-----GGCGAAGAGA	607
STM	-----	607

CONSENSUS-A	?ca??TGtTacATGAacCAtTGcAACACatCagTCATcAcaGagTCATGTGAtAAgCACATTgGgATgc	597
ROD	C-CAG-----A-----C-----	662
885	A--GA-----	429
NIHZ	G--AG-----	632
ALI	C--GG-----	653
ISY	AA-GA-----C-----	635
ST	AA-CA-----C-----C-----A-----	644
BEN	CA.....GA-----A-----A-----	662
D194	CA.....GA-----A-----C-----	629
CAM2	C--CG-----	659
CAM2BR	C--CG-----	665
D1024	G--GG-----A-----	653
D766	A--GG-----A-----	653
D808	A--GA-----A-----A-----	641
D868	G--GG-----A-----A-----	653
GH1	A--GA-----	635
CBL21	G--AA-----G-----	662
CBL22	G--GA-----T-----G-----A-G-----C-----A-----	650
CBL23	AT-CA-----G-----C-----	650
CBL24	G-CGA-----	665
MDS	G--GG-C-----G-----A-----A-----	695
CAM1	CG.....A-----A-----A-----AG	659
CAM3	AA-GG-----T-----A-----	665
CAM4	G--CG-----T-----T-----A-----A-----	668
CAM5	C.....A-----T-----G-----C-----	644
CAM6	AG-AG-----G-----	674
KR	G--AA-----	638
D1071	G--GG-G-----A-----A-----A-----A-----	344
UC2	CA.....GA-----T-----AG-A-----A-T-----T-----	671
CONSENSUS-B	?cA?ATGtTAtATaAgAACcTGtAAcTAcAtCAAATCCAGAGTCATGTGAcAACATTAtTGGGAcAG	612
UC1	C--T-----C-G-----T-----C-G-G-----T-----C-----	659
D205	G--G-C-----C-C-A-----	662
EHOA	..A-----A-----A-----T-----	659
CONSENSUS-SD	gttagatgttacatgaaccactgtaacacttctgttatccaagagtcttgacaaaacattattggatgc	671
MM251	-C----C-----T-----A-----A-----	686
MM32H	-----C-----T-----A-----G-----A-----	677
MM1A11	-----T-----	677
MM316ZQ	-----	680
MM132ZL	-----	680
MM239	-----	680
MM142	-----T-----T-----G-----G-----	689
MM18101	-----C-----T-----	389
SEGA	-----	680
SEGE	-----	680
SEGJ	-----	680
7FBE2	-----	680
7FLG1	-----	671
7FLN1	-----	680
7FSE1	-----	680
MNE	-----T-----T-----A-----	680
MNELN11	-----T-----T-----A-----T-----	386
MNESPL1	-----T-----T-----A-----T-----	371
MNELIV2	-----T-----G-T-----A-----	386
PHTBE1	-----	674
PHTLG1	-----	674
P209C19	--A-----C-G-T-----CAG-----T-G-A-C-----G-----	686
P209C15	--A-----C-G-T-----CAG-----G-G-A-C-----G-----	686
SMMPB1J	--A---C-T-----T-----CAG-----T-----A-C-----	698
SMMH9	--A---C-T-----T-----CAG-----T-----A-C-----G-----	689
SMMH4	--A-----C-T-T-----CAG-----T-----A-C-----G-----	683
SM62A	--A-----C-T-T-----CAG-----T-G-A-C-----G-----	686
HUMB670	228
SMMB670	--A-----T-T-----CAG-A-----T-----A-C-----G-----A-----	677
CONSENSUS-STM	GCAGATGCTACATGAGACATTGCAATACCAGTGTAAATTCAAGAACATTATTGGGATGC	677
STM	-----	677

HIV2/SIV ENV

CONSENSUS-A	tATgaggTTTAgATAcTGtgCACCaCCgGGtTttgcctTgcTAAGaTgcAaTGAtaCcaAtTAttCaGGc	667
ROD	-----A-----A-----C-AT-----T-----	732
885	-----A-----A-----C-A-----	499
NIHZ	-----A-----	702
ALI	---A--A-----T-----AC-----	723
ISY	-----A-----T-----G-----C-----	705
ST	-----T-----C-----	714
BEN	-----C-----C-AT-----T-----C-----	732
D194	-----A-----C-A-----C-----	699
CAM2	-----A-A-----G-C-----	729
CAM2BR	-----A-A-----G-C-----	735
D1024	-----T-----G-----C-----	723
D766	-----T-----G-----A-----T-----AT-C-----C-----	723
D808	-----A-----T-----A-----A-----C-----	711
D868	C-----T-----T-----A-----T-----C-----	723
GH1	---A-A-----A-----C-A-----	705
CBL21	-----A-----C-A-----A-----	732
CBL22	-----	720
CBL23	-----A-----C-A-----	720
CBL24	-----C-----C-----	735
MDS	-----C-----G-----	765
CAM1	-----A-----T-----	729
CAM3	-----A-----A-----C-----G-----	735
CAM4	-----A-----TA-A-----TG-----C-----	738
CAM5	-----A-----C-----A-----	714
CAM6	-----	744
KR	-----ATG-----	708
D1071	-----A-----T-----A-----A-----C-----	414
UC2	-----A-----CA-----A-----A-----C-----C-----G-----	741
CONSENSUS-B	cTTAAGaTTTAGGTatTGTGCTCCCCaGGaTtTgcTcTgCTAAAGATGtAATGAtACcAAcTATTcAGGC	682
UC1	-----C-----A-----C-----	729
D205	-----G-----G-----G-----TT-----A-----	732
EHOA	T-----T-----C-----T-----A-----	729
CONSENSUS-SD	tattagatttaggtattgtcacccctccaggttatgcttgcttagatgtaatgacacaaaattattcaggc	741
MM251	-----	756
MM32H	-----	747
MM1A11	-----	747
MM316ZQ	-----	750
MM132ZL	-----	750
MM239	-----	750
MM142	-----G-----A-----	759
MM18101	-----	459
SEGA	-----	750
SEGE	-----G-----	750
SEGJ	-----	750
7FBE2	-----T-----A-----	750
7FLG1	-----	741
7FLN1	-----	750
7FSE1	-----	750
MNE	-----	750
MNELN11	-----	456
MNESPL1	-----	441
MNELIV2	-----	456
PHTBE1	-----	744
PHTLG1	-----	744
P209C19	-----A-C-----G-----G-----TT-----A-----	756
P209C15	-----A-C-----G-----G-----TT-----	756
SMMPBJ	-----A-----G-----G-----TT-----	768
SMMH9	-----Y-A-----G-----G-----T-C-----	759
SMMH4	-----A-C-----G-----G-----TT-----T-----	753
SM62A	-----A-----G-----G-----TT-----	756
HUMB670	228
SMMB670	-----A-----G-----G-----C-T-----	747
CONSENSUS-STM	CTTAAGGTTTAGGTATTGTGCACCACCTGGTTATGCTTTGCTCAGATGCAATGACAATTATAACAGGC	747
STM	-----	747

CONSENSUS-A	TTttagCCcAA-TG?tCTAAaGTAGTAGCTgCtaCAtGcACcAGgATGAtGGAAacGcAAActTCtAC?T	735
ROD	-----CA-----C-T-----T-----C-A-----	802
885	--C-----A-C-T-----T-----A-----C-C-T-----	569
NIHZ	-----CA-T-C-C-----A-----A-----	772
ALI	-----CA-----C-----A-----G-T-----T-----	793
ISY	-----C-----T-----T-----A-A-----T-----	775
ST	-----T-----G-----T-----A-----C-C-T-----	784
BEN	-----A-T-G-CA-----T-----A-----T-----	802
D194	-----A-T-G-C-----T-----A-----T-----	769
CAM2	-----CA-----C-T-----G-----T-----A-----G-----G-----	799
CAM2BR	-----CA-----C-T-----G-----T-----A-----G-----A-----	805
D1024	-----T-----C-----C-----G-----G-----G-----	793
D766	-----T-----C-----C-----G-----G-----G-----	793
D808	-----C-----C-C-T-----A-----G-----G-----	781
D868	-----T-----C-----A-----A-----A-----	793
GH1	--C-----A-G-T-----T-----A-----C-C-T-----	775
CBL21	-----TA-----T-----A-----C-C-T-----	802
CBL22	-----C-----T-----A-----T-----	790
CBL23	-----C-----C-G-----A-----A-----	790
CBL24	-----TA-----A-----A-----T-----	805
MDS	---C-----T-----T-----T-----A-----G-----	835
CAM1	-----A-A-C-G-A-----A-----C-A-----	799
CAM3	-----C-----A-----A-----A-----A-----	805
CAM4	-----A-A-C-----T-----T-A-A-----T-----	808
CAM5	-----CA-T-----T-----G-----T-----A-----G-----	784
CAM6	-----C-----A-----A-----G-----A-----A-----	814
KR	-----G-TC-----A-A-----T-----	778
D1071	-----CC-----C-----G-----	484
UC2	-----CA-T-----CC-----T-----T-----	811
CONSENSUS-B	TTCATGCCcAACtGTAGTAAGGTAGTAGtgTCctc?TgCacaAGAATGATGGAAacACAGAcCCTCTACAT	751
UC1	--T-----A-A-----A-----T-----G-----	799
D205	-----C-----C-----C-----T-----	802
EHOA	-----A-TCTG-A-----	796
CONSENSUS-SD	tttatgcctaatgttctaagggtggcttcatgcacaaggatgatggagacacagacttctactt	811
MM251	-----	826
MM32H	-----	817
MM1A11	-----	817
MM316ZQ	-----	820
MM132ZL	-----	820
MM239	-----	820
MM142	-----C-----A-----	829
MM18101	-----	529
SEGA	-----T-----	820
SEGE	-----T-----	820
SEGJ	-----G-----	820
7FBE2	-----	820
7FLG1	-----	811
7FLN1	-----	820
7FSE1	-----G-----	820
MNE	-----C-----A-----	820
MNELN11	-----C-----A-----	526
MNESPL1	-----C-----C-----A-----	511
MNELIV2	-----C-----A-----G-----	526
PHTBE1	-----	814
PHTLG1	-----	814
P209C19	-----GCT-----A-----T-----A-----G-A-C-----	826
P209C15	-----GCT-----A-----T-----A-----A-C-----	826
SMPBPJ	-----GCT-----C-A-----A-A-T-----A-----A-C-----	838
SMMH9	-----GCT-----C-A-----A-A-T-----A-----A-C-----	829
SMMH4	-----GCT-----C-----A-----T-----A-----G-A-C-----	823
SM62A	-----GCT-----A-----T-----A-----G-A-C-----	826
HUMB670	228
SMMB670	-----GCT-----C-----A-----T-----A-----AG-C-----	817
CONSENSUS-STM	TTTGCACCTAATTGCTCTAAGGTAGTAGTCTCCTCGTGTACTAGAATGATGGAGACACAAACTCAACTT	817
STM	-----	817

HIV2/SIV ENV

CONSENSUS-A	GGtTTGGcTTtaaTGGCaCtAGagCAGAgAAtAGaACaTataTcTaTTGGcAtggAgagataatAGaaC	805
ROD	-----C-----	872
885	-----G-----A-----A-C-G-----G--	639
NIHZ	-----A-----A-----A-----C-----	842
ALI	-----G-----A-----G-----C-----	863
ISY	-----C-----G-----A-----G-----	845
ST	-----G-----A-----G-----	854
BEN	-----A-----C-----G-----	872
D194	-----A-----AG-----G-----	839
CAM2	-----C-----A-----C-----	869
CAM2BR	-----C-----A-----C-----	875
D1024	-----T-----A-----A-----C-----	863
D766	-----TG---G-----A-----T-T-----A-----GGC-----GG-----	863
D808	-----C-----C-----T-----A-----A-----C-----	851
D868	-----CG-T-----A-----A-----C-----	863
GH1	-----G-----C-----G-----	845
CBL21	-----G-----G-----G-----G-----	872
CBL22	-----A-----G-----A-----G-----C-----	860
CBL23	-----A-----T-----G-----C-----	860
CBL24	-----C-----GT-----T-----C-----	875
MDS	-----A-----A-----C-----	905
CAM1	-----CA-----AG-----C-----	869
CAM3	-----A-----C-----	875
CAM4	-----T-----G-----G-----C-----C-A-----	878
CAM5	-----A-----A-----A-----AT-----AG-----C-----	854
CAM6	-----C-----	884
KR	-----G-----A-----G-----	848
D1071	-----G-----T-----A-----C-----	554
UC2	-----A-----C-----G-----	881
UC3	-----A-----C-----G-----	32
UC5	-----C-----G-----	32
UC6	-----A-----C-----	32
UC7	-----C-----G-----	32
UC8	-----A-----A-----AGC-----G-----	32
UC9	-----C-----A-----CC-----A-----C-----G-----	32
UC10	-----A-----G-----	32
UC11	-----AGAG-----G-----	32
UC12	-----	32
UC14	-----C-----G-----	32
CONSENSUS-B	GGTTGGCTTCATGGTACaAGGgCAGAaAAcAGGACATATAT?TATTGGCATggtAAAGAcAATAGGAC	820
UC1	-----G-----A-----T-----G-----A-----T-----	869
D205	-----G-----A-----AA-----	872
EHOA	-----C-----	866
CONSENSUS-SD	ggtttggcttaatggaaactagaggcagaaaatagaacttatattactggcatggtagagataataggac	881
MM251	-----G-----	896
MM32H	-----G-----	887
MM1A11	-----G-----A-----	887
MM316ZQ	-----GA-----	890
MM132ZL	-----G-----	890
MM239	-----G-----	890
MM142	-----C-G-----C-----	899
MM18101	-----G-----	599
SEGA	-----G-----	890
SEGE	-----G-----	890
SEGJ	-----G-----	890
7FBE2	-----T-----	890
7FLG1	-----G-----	881
7FLN1	-----G-----	890
7FSE1	-----A-----G-----	890
MNE	-----A-C-A-----	890
MNELN11	-----A-C-A-----	596
MNESPL1	-----A-C-A-----	581
MNELIV2	-----A-C-A-----	596
PHTBE1	-----G-----	884
PHTLG1	-----	884
P209C19	-----C-----T-----G-----A-C-----T-----C-A-AG-----A-----	896
P209C15	-----C-----T-----AG-----A-C-----T-----C-----AG-----A-----	896
SMMPBJ	-----T-----C-----T-----A-C-----T-----C-----AG-----A-----	908
SMMH9	-----T-----C-----T-----A-C-----T-----R-C-----AGC-----A-----	899
SMMH4	-----C-----T-----G-----A-C-----T-----C-A-AG-----A-----	893
SM62A	-----C-----T-----G-----A-C-----T-----C-A-AG-----A-----	896
HUMB670	-----	228
SMMB670	-----T-----C-----T-----G-----A-C-----T-----AG-----	887
CONSENSUS-STM	GGTTGGCTTAATGGAACTAGAGCAGAAAATAGAACATATCTATTGGCATGGCAGGGATAATAGGAC	887
STM	-----	887

CONSENSUS-A	taTcaTcAGcttaAcaaataattatAAtCTcactaTacatTGtaagAGgCCaGGaAAtaAgacaGTtgtat	875
ROD	-----G-T-G-----G-----T-GAA-	942
885	-----G-----TT-----G-----G-----AC-----T-----	709
NIHZ	-----T-----T-C-T-----G-----G-----GT-----	912
ALI	-----C-G-----T-----G-----	933
ISY	-----T-----C-----T-----G-----A-----A-----	915
ST	-----T-----G-T-----CG-----C-----	924
BEN	-----T-----G-----A-G-----A-----T-----	942
D194	-----T-----G-----A-G-----A-----	909
CAM2	-----T-----GC-----C-----T-----GT-----G-----G-G	939
CAM2BR	-----T-----G-----C-----T-----GT-----G-----G-G	945
D1024	-----A-----C-----T-----A-----A-----A-----A-----	933
D766	-----A-----GT-----C-----G-----T-----T-----G-----A-----A-G	933
D808	-----A-----C-----C-C-----T-----T-----A-----A-----	921
D868	-----A-----C-----T-----A-----A-----G-----	933
GH1	-----G-----C-----TT-----A-----C-----	915
CBL21	-----T-----G-----C-----	942
CBL22	-----T-----G-----C-----C-----A-----	930
CBL23	-----T-----T-----A-----G-----	930
CBL24	-----T-----T-----	945
MDS	-----TGC-AG-----T-CT-G-----A-----G-----	975
CAM1	-----G-----G-----G-----G-----A-----A-----	939
CAM3	-----T-----CT-----G-----A-----A-G	945
CAM4	-----C-C-----G-G-----A-----A-----	948
CAM5	-G-T-----GC-----TC-----C-----G-----A-----	924
CAM6	-----G-----T-----G-----A-----A-----	954
KR	-----T-----T-C-C-----A-G-----T-----T-G-----	918
D1071	-----A-----C-----T-----T-----A-----A-----	624
UC2	-----T-----C-----T-----A-G-----C-----A-----	951
UC3	-----A-----T-CG-----C-----G-----A-----C-----A-----G	102
UC5	-----T-----G-----A-GT-----A-----	102
UC6	-----T-----A-----C-----T-----A-----A-----GA-----C-G-----A-----G-----C-----A-----G-----	102
UC7	-----T-----A-----G-----A-----A-----	102
UC8	-G-T-----A-----C-----T-----A-----A-----GC-----G-----A-----G-----C-----A-----G-----C-----G	102
UC9	C-----A-----C-----GG-----C-----C-----G-----A-----G-----C-----A-----	102
UC10	Y-----TT-----G-----CC-----C-----A-----	102
UC11	-----T-----A-----G-----T-----C-----	102
UC12	-----T-----T-C-C-----C-----A-----AT-----C-----	102
UC14	-----G-T-----G-----TT-----T-----C-----A-----C-----	102
CONSENSUS-B	cATCATAAAGCTTaAATacaTAtTATAATcTgaCAATgCActGTgAaaAGGCCAGGAAACAAAGAcgGTtgTa	890
UC1	-----G-----AG-----A-----T-----C-G-----G-----A-----CA-----	939
D205	-----C-----T-----T-----A-----G-----	942
EHOA	T-----T-----A-----T-----G-----	936
CONSENSUS-SD	tataatttagttaaaataagtattataatctaacaatgaaatgtagaagaccaggaaataagacagttta	951
MM251	-----	966
MM32H	-----	957
MM1A11	-----A-----	957
MM316ZQ	-----A-----	960
MM132ZL	-----	960
MM239	-----	960
MM142	-----C-----C-----	969
MM18101	-----G-----	669
SEGA	-----	960
SEGE	-----	960
SEGJ	-----G-----	960
7FBE2	-----	960
7FLG1	-----	951
7FLN1	-----A-----	960
7FSE1	-----	960
MNE	-----G-----	960
MNELN11	-----G-----	666
MNESPL1	-G-----G-----	651
MNELIV2	-----G-----	666
PHTBE1	-----G-----	954
PHTLG1	-----A-----A-----	954
P209C19	C-----C-----	966
P209C15	C-----C-----G-----	966
SMMPBJ	C-----C-----G-----	978
SMMH9	C-----C-----R-----G-----	969
SMMH4	C-----C-G-----G-----A-----	963
SM62A	C-----C-----G-----	966
HUMB670	228
SMMB670	C-----C-----T-----A-G-----G-----G-----CA-----	957
CONSENSUS-STM	TATTATTAGCTTGAACAAGTATTACAATTAAACAATGAGCTGTAGAACAGCAGGGAACAAAACAGTCTTA	957
STM	-----	957

HIV2/SIV ENV

CONSENSUS-A	CcaaTAAcacttAtGtCaGGgttagtgTTtCActCc?????cagccaaTc???AAtaaaAgaCCcaggC	936
ROD	-A-----TG-----ACAT-----CACTAC-----G-----A-----	1009
885	-----G-C-----	770
NIHZ	-----T-----TAA-----G-----ATC-----A-----	976
ALI	-----A-A-----	994
ISY	-----C-----CCGCAGA-----AAG-----ATC-----A-----	979
ST	-----C-----	985
BEN	-----A-----T-----C-C-G-T-----	1003
D194	-----CG-AG-----T-----G-----G-TAC-C-A-TG-----	973
CAM2	-----CA-AGA-----G-----ATT-----G-----	1003
CAM2BR	-----CA-AGA-----G-----ATT-----G-----	1009
D1024	-----A-----T-----C-----T-A-----	994
D766	-----G-----G-A-----T-----C-----T-A-----	994
D808	-----A-----T-----C-----T-A-----	982
D868	-----A-----T-----G-----T-A-----	994
GH1	-----C-----C-----T-----	976
CBL21	-----C-----ACACAG-----G-----G-ATC-----G-A-T-----	1006
CBL22	-----C-----ACAAA-----G-----G-ACTC-----C-A-A-----	994
CBL23	-----AG-----GG-----ATC-----A-----	994
CBL24	-----A-----T-----G-----C-----	1006
MDS	-----A-----T-----G-----G-----T-----	1036
CAM1	-----A-----G-----G-----G-----T-----	1000
CAM3	-----A-----G-----C-----T-----	1006
CAM4	-----C-----G-----TG-----T-----	1009
CAM5	-----A-----G-----	985
CAM6	-----A-----T-----G-----GG-----T-A-----	1015
KR	-----G-----AG-----GA-G-ATC-----G-----A-----	982
D1071	-----A-----T-----CC-----A-----	685
UC2	-----ACATAG-----T-T-----G-G-ATC-----C-A-T-A-----	1015
UC3	-----G-G-ACC-----TC-CC-C-TG-T...TTCA-AT-T-----A-T-----	166
UC5	-----C-----T-----C-----G-----T-----	163
UC6	-----G-----AC-A-C-C-T-A-----A-T-----G-----A-----	163
UC7	-----C-----T-----C-G-----T-----	163
UC8	-----G-----AC-C-C-T-A-----T-----A-----	163
UC9	-----A-T-C-A-----ACA-CT-C-G-----A-GG-GATC-----A-----A-----	166
UC10	-----G-----C-----C-A-A-----A-----G-----	163
UC11	-----C-----	163
UC12	-----C-----ACAAA-----AAG-TATC-----AC-----	166
UC14	-----C-----CAA-----GG-GATC-----TT-----	166
CONSENSUS-B	CCAATAAgAAcCgTGTCAGGacT?cttTTCCATTCa.....CAGCCTaTC...AATAa?AGACCcAgAC	949
UC1	-----C-T-A-----GAA-----G-----C-----CC-----	1000
D205	-----A-----G-----G-----	1003
EHOA	-----TA-T-C-----A-----T-A-----	997
CONSENSUS-SD	ccagtcaccattatgtctggattggtttccactca.....caaccaatc???aatgataggccaaagc	1012
MM251	-----	1027
MM32H	-----	1018
MM1A11	-----CA-----	1018
MM316ZQ	-----	1021
MM132ZL	-----	1021
MM239	-----	1021
MM142	-----C-----G-----G-----	1030
MM18101	-----A-----	730
SEGA	-----	1021
SEGE	-----	1021
SEGJ	-----A-----C-----A-----CG-----ATC-----A-----	1024
7FBE2	-----	1021
7FLG1	-----	1012
7FLN1	-----	1021
7FSE1	-----	1021
MNE	-----C-----	1021
MNELN11	-----C-----	727
MNESPL1	-----C-----	712
MNELIV2	-----C-----	727
PHTBE1	-----A-----	1015
PHTLG1	-----	1015
P209C19	-----A-G-C-T-G-----C-A-----G-A-A-----	1027
P209C15	-----A-G-C-T-G-----C-A-----G-A-T-----	1027
SMMPBJ	-----A-G-C-T-G-----C-A-----G-A-A-----	1039
SMMH9	-----A-G-C-T-G-----C-A-----G-A-A-----	1030
SMMH4	-----A-G-C-T-G-----G-C-A-----G-A-A-----	1024
SM62A	-----A-G-C-G-----AC-A-----G-A-A-----	1027
HUMB670	-----	228
SMMB670	-----A-G-C-T-G-----C-A-----G-A-C-T-----	1018
CONSENSUS-STM	CCAGTCACCATTATGTCAGGCTTGGCTTCCATTG...CAACCCATT...AATGAGAGACCAAAAC	1018
STM	-----	1018

CONSENSUS-A	AaGCaTgGTGctGGtTcaaaGGcaa?TGGA?ggaaGCcATgcagGAgGTgAagcaaACccTTgcaaaaCA	1004
ROD	-----A---AA---C-----G-----	1079
885	-----TGGG---G-----AT-----	840
NIHZ	-----T---G---C-A---A-----G-G-----G-----	1046
ALI	-----G-A---G-----G-----T-----	1064
ISY	-----C---G-G---G-----A-----T-----	1049
ST	-----G-G---A---A-----T-----	1055
BEN	-G-----C---TGG---GA---G-----T-C-----	1073
D194	-G-----T---TC---C---TA---G-----	1043
CAM2	-----C---CA-----A-----GG-G-----	1073
CAM2BR	-----C---CA-----A-----GG-G-----	1079
D1024	-----A---AA-----T-----	1064
D766	-----C---CA---GA-----T-----	1064
D808	-----GA---A-----G-----A-----	1052
D868	-----C---A---A-----T---G-----G-----A-----G-----	1064
GH1	-----G---G-----A-----AT-----	1046
CBL21	-----G---T---G---G-----G-----T-----	1076
CBL22	-----C---GA---A-----G-----	1064
CBL23	-----T-----TG-A---A---G-----G-----	1064
CBL24	-----A---A-----A-----	1076
MDS	-----G---C---G-AG-----A---G-----A---AT-----	1106
CAM1	-----G---T---C-----T-----G-----	1070
CAM3	-----A---A-----A---G-----C-----	1076
CAM4	-----G-G---A---G-----A-----A-----CT-G-----	1079
CAM5	-----G---C---G-----G-A-----A-----G---T-----	1055
CAM6	-----G---C---A---GA-----G-----A-----AA-G-----	1085
KR	-G-----GG---TG-T---A-A-----A-----TG-----	1052
D1071	-----C---C---C-A---A-----	755
UC2	-G-----T-----C---AA-G-----GG-----	1085
UC3	-----T---T---A---C---C-C-G---AA-----G-G---A-----G-T-----	236
UC5	-----G-----T-----C---CA-C-----	233
UC6	-----T-----TC-G---A---T---CA-----A-G-----AG-G---A-----	233
UC7	-G-----TGGG---C---CA-----A-A-----A-----G-----	233
UC8	-----T-----G---A---T---CA-----A-G-----G-G---A---A-G-----	233
UC9	-G---T-----T---A---C---CA-G-----A-----AG-G---A---ATG-----	236
UC10	-G-----C-G---T---C---C-C-----TG-----	233
UC11	-----G---G---A-----G---A---AT-----	233
UC12	-----T-----G-S---G-----A-----T-----G-----	236
UC14	-----G---G---G-A-----A-----T-GG-----	236
CONSENSUS-B	AaGCTTGGTGCTGGTTAAgGGAAAAGGCCATAaaGGAGGTgAAagaGACCAtAAAAaCA	1019
UC1	-G-----T-----G-----A-----	1070
D205	-----A-----C-----T-A---T-----	1073
EHOA	-----A-----C-----T-A---T-----	1067
CONSENSUS-SD	aggcatggtgtgtgtttggaggaaaatggaaaggatgcaataaaagaggtgaagcagaccattgtcaaaca	1082
MM251	-----A-----	1097
MM32H	-----T-----A-----	1088
MM1A11	-----A-----	1088
MM316ZQ	-----	1091
MM132ZL	-----A-----	1091
MM239	-----	1091
MM142	-----A-----T-----G-----	1100
MM18101	-----T-----	800
SEGA	-----A-----	1091
SEGE	-----A-----	1091
SEGJ	-----C-----G-----	1094
7FBE2	-----CA-----A-----A-----A-----	1091
7FLG1	-----	1082
7FLN1	-----	1091
7FSE1	-----	1091
MNE	-----A---A---T-----G-----A-----	1091
MNELN11	-----A---A---T-----G-----A-----	797
MNESPL1	-----A---A---T-----G-----A-----T-----	782
MNELIV2	-----A---A---T-----G-----A-----	797
PHTBE1	-----	1085
PHTLG1	-----	1085
P209C19	-----C---CC-----G---C---GC---G---C---CC-G---A-----G-A---T-G-----	1097
P209C15	-----C---CC-----C---GC---G---C---CC-G---A-----G-A---T-G-----	1097
SMMPBJ	-----C---C-----G-----AA-G---C---CC-G---A-----G-A---T-G-----	1109
SMMH9	-----C---C-----G-----A---G---C---CCGG---A-----GMAM---T-G-----	1100
SMMH4	-----C---C-----A-----GC-----AA-G---C---CC-G---A-----G-A---T-G-----	1094
SM62A	-----C---C-----GC-----A---G---C---CC-G---A-----G-A---T-G-----	1097
HUMB670	-----	228
SMMB670	-----C---C-----AG-----GT-----A-G---C---CC-G---A-----G-A-----	1088
CONSENSUS-STM	AAGCTTGGTGCTGGTTGGAGGAGAATGGAGAGGAATAAAAGAGGTTAAGGAAACCTTGGTCAAACA	1088
STM	-----	1088

HIV2/SIV ENV

CONSENSUS-A	tCCcAGgTAtaaagga.....	accaatgacAcaa??????aa?aTtaactTtacagcaCcaggaaaa	1059
ROD	-----G-----	-----GG-----T-----G-----G-----G-----	1137
885	-----C-----	-----AG-----A-----T-----AA-----	898
NIHZ	-----A-----G-----A-----GGAG-CGC-CA	...GAG-T-----A-----G-----G-----	1107
ALI	-----AC-----	-----C-A-----AA-----G-----	1122
ISY	-----AT-----	-----A-----	1107
ST	-----C-----	-----GAA-----A-----CGT-----T-----G-----G-----	1113
BEN	-----A-----C-----T-----T-----GGG-----A-----	-----A-----GAA-----G-----GC-----	1131
D194	-----CGG-----A-----T-----GGA-----A-----	-----A-----GAAG-----T-----	1101
CAM2	-----AA-----T-----CG-----G-----T-----C-----C-----A-----A-----G-----	-----A-----G-----	1131
CAM2BR	-----AA-----T-----CG-----G-----T-----C-----C-----A-----A-----G-----	-----A-----G-----	1137
D1024	-----C-----G-----G-----A-----G-----GAA-----G-----T-----C-----G-----G-----	-----G-----	1122
D766	-----C-----A-----GG-----G-----GG-----G-----	-----G-----	1122
D808	-----C-----GG-----T-----GGA-----G-----	-----G-----	1110
D868	-----C-----GG-----A-----T-----GGA-----T-----A-----GTG-----G-----	-----G-----	1122
GH1	-----C-----AG-----T-----	-----AA-----G-----	1104
CBL21	-----G-----A-----G-----GAA-----T-----C-----G-----G-----G-----	-----G-----	1134
CBL22	-----CA-----T-----GAG-----GT-----C-----	-----G-----	1122
CBL23	-----A-----AG-----T-----	-----G-----	1122
CBL24	-----G-----G-----C-----GC-----G-----T-----G-----	-----G-----	1134
MDS	-----C-----G-----G-----A-----T-----CA-----T-----C-----C-----G-----	-----C-----	1164
CAM1	-----A-----GG-----GGA-----C-----	-----G-----	1128
CAM3	-----A-----G-----CAA-----T-----AC-----C-----CCG-----C-----G-----G-----AG-----	-----G-----	1134
CAM4	-----A-----G-----CAA-----T-----AC-----C-----CCG-----C-----G-----G-----AG-----	-----G-----	1137
CAM5	-----G-----GAACCCA-----T-----A-----CA-----G-----T-----	-----T-----	1110
CAM6	-----GAA-----TT-----TT-----AT-----T-----C-----GA-----G-----	-----G-----	1143
KR	-----G-----C-----CAG-----A-----	-----CA-----	1110
D1071	-----C-----G-----A-----T-----GGA-----G-----	-----G-----	813
UC2	-----C-----T-----G-----GT-----G-----	-----GTGAA-----GT-----	1143
UC3	-----A-----C-----A-----AA-----T-----TCTCA-----C-----A-----A-----T-----A-----AG-----ACTCGTC-----	-----G-----	294
UC5	-----A-----C-----T-----G-----GA-----C-----T-----T-----AA-----G-----	-----G-----	291
UC6	-----C-----G-----AG-----A-----TC-----CG-----G-----A-----A-----AG-----A-----ACTC-----GTG-----	-----G-----	291
UC7	-----A-----C-----T-----G-----GGA-----A-----	-----GAA-----	291
UC8	-----T-----G-----TA-----AA-----TC-----CG-----A-----A-----GA-----AG-----A-----ACTC-----GT-----	-----G-----	291
UC9	-----A-----C-----T-----C-----CA-----GC-----A-----C-----A-----A-----ACTCGCC-----	-----G-----	294
UC10	-----AC-----G-----	-----A-----R-----	291
UC11	-----C-----C-----C-----T-----GGG-----CGT-----T-----G-----	-----G-----	291
UC12	-----C-----C-----AA-----GCT-----	-----G-----	294
UC14	-----C-----GAG-----A-----	-----G-----AAG-----	294
CONSENSUS-B	TCCCCAGgTATaaaAGGA?????...aCAAAaAAtAtC?ca??????aaGaTAag?tTagcAGagCacgcga?A	1074	
UC1	-----T-----C-----C-----GAG-----G-----A-----G-----T-----G-----C-----T-----GC-----	-----G-----	1128
D205	-----GGT-----G-----A-----AGCGTA-----T-----G-----T-----A-----T-----GA-----A-----	-----G-----	1137
EHOA	-----A-----TC-----C-----T-----C-----G-----G-----	-----G-----	1125
CONSENSUS-SD	tcccaggtatactgga.....actaacataactgat.....aaaatcaattgacggctcctggagga	1140	
MM251	-----A-----	-----A-----	1155
MM32H	-----	-----A-----	1146
MM1A11	-----	-----A-----	1146
MM316ZQ	-----	-----A-----	1149
MM132ZL	-----	-----A-----	1149
MM239	-----	-----A-----	1149
MM142	-----G-----	-----A-----	1158
MM18101	-----A-----	-----A-----	858
SEGA	-----	-----A-----	1149
SEGE	-----T-----T-----	-----A-----	1149
SEGJ	-----	-----A-----	1152
7FBF2	-----C-----	-----	1149
7FLG1	-----	-----A-----A-----	1140
7FLN1	-----	-----A-----	1149
7FSE1	-----	-----	1149
MNE	-----	-----	1149
MNELN11	-----	-----	855
MNESPL1	-----	-----	840
MNELIV2	-----	-----	855
PHTBE1	-----	-----A-----	1143
PHTLG1	-----	-----A-----	1143
P209C19	-----G-----TG-----A-----G-----T-----C-----A-----A-----A-----C-----	-----A-----	1155
P209C15	-----G-----G-----TG-----A-----G-----T-----C-----A-----A-----A-----C-----	-----A-----	1155
SMPBPJ	-----G-----T-----G-----A-----C-----T-----GC-----A-----A-----A-----	-----A-----	1167
SMMH9	-----AG-----TR-K-Y-R-A-----C-----T-----GC-----A-----A-----A-----	-----A-----	1158
SMMH4	-----G-----TG-----AGG-----T-----C-----A-----A-----A-----C-----	-----A-----	1152
SM62A	-----G-----TG-----A-----G-----T-----C-----A-----A-----A-----C-----A-----	-----A-----	1155
HUMB670	-----	-----	228
SMBB670	-----A-----TG-----G-----G-----G-----T-----A-----AA-----	-----A-----	1146
CONSENSUS-STM	TCCCCAGGTATAACAGGA.....ACCAATGACACGGCA.....AAAATAAGGATAGTGGCTCCTGGGGGA	1146	
STM	-----	-----	1146

CONSENSUS-A	ggcTCaGAccCaGAaGtggcATacATGTGGaCtAacTGc...	AgaGGaGAa.....TttcTcTAcTGcA	1120
ROD	-----A-----G.....	1198
885	-----G.....	959
NIHZ	-----AA-----C-----	1168
ALI	-----TG-----A-T-T-----T-----	1183
ISY	-A-----A-T-----C-----T-----	1168
ST	C-----	1174
BEN	-----G-----TT-----T-----	1192
D194	-T-----A-----T-----	1162
CAM2	-----T-----A-----T-----T-----	1192
CAM2BR	-----T-----A-----T-----T-----	1198
D1024	-----G-----C-----G-----	1183
D766	-----G-----C-----G-----G-----	1183
D808	-----G-----C-----G-----T-----	1171
D868	-----G-----C-----G-----	1183
GH1	-----	1165
CBL21	-----	1195
CBL22	-----T-----A-----C-----T-----	1183
CBL23	-----G-----	1183
CBL24	-----A-----T-----T-----	1195
MDS	-----A-----	1225
CAM1	-----T-----T-----	1189
CAM3	-----G-----G-----	1195
CAM4	-----T-----A-----T-----	1198
CAM5	-----A-----CT-----T-----	1171
CAM6	-----A-----G-----	1204
KR	-----T-----TG-----T-----A-----	1171
D1071	A-T-----G-----CA-----T-----	874
UC2	-----G-----A-----T-----T-----	1204
UC3	-----T-----AAG-----TT-----T-----	...G-----G-----CT-G-----	355
UC5	-----A-----	352
UC6	-----T-----G-----AAG-----T-----T-----	...TG-----G-----C-----A-----T-----	352
UC7	-----T-----	352
UC8	-----G-----AG-----T-----T-----	...G-----G-----CT-G-----T-----	352
UC9	-----T-----T-----AAG-----G-----	...G-----G-----CT-G-----T-----	355
UC10	-----CA-----A-----T-----C-----T-----T-----	352
UC11	-----	352
UC12	-----T-----T-----	...G-----C-----T-----	355
UC14	-----	355
CONSENSUS-B	gGtTCAGAtCCAGAagtaAgAtATATGTGGACtAAcTGT...	.AGgGGAGAA.....TTctT?TA?TGTA	1133
UC1	-----C-----G-----G-----C-----C-----T-----	1189
D205	-----AC-----C-----	...C-----T-----A-----A-----C-----	1198
EHOA	A-C-----G-----TC-C-----C-----	1186
GH2	-----A-----T-----	13
CONSENSUS-SD	gga...gatccggaaagttagcttcatgtggacaaattgc...	...agaggagag.....tTccTcTAcTGtA	1198
MM251	-----	1213
MM32H	-----	1204
MM1A11	-----T-----	1204
MM316ZQ	...A-----C-----	1207
MM132ZL	...A-----	1207
MM239	-----	1207
MM142	...-----T-----	1216
MM18101	-----T-----	916
SEGA	-----GT-----	...A-----	1207
SEGE	-----	1207
SEGJ	-----	1210
7FBE2	...-----A-----	1207
7FLG1	-----	1198
7FLN1	-----	1207
7FSE1	-----	1207
MNE	-----T-----	1207
MNELN11	-----T-----	913
MNESPL1	-----T-----	898
MNELIV2	-----T-----	913
PHTBE1	-----	1201
PHTLG1	...A-----	1201
P209C19	...A-----C-----T-----T-----	...A-----A-----A-----T-----C-----	1213
P209C15	...A-----C-----T-----T-----	...T...C-----A.....C-----T-----A-----C-----	1213
SMMPB1	...A-----T-----	...T...C-----A.....T-----A-----T-----C-----	1225
SMMH9	...A-----T-----	...T...C-----A.....T-----A-----T-----C-----	1216
SMMH4	...A-----C-----T-----T-----	...T...C-----A.....T-----A-----T-----C-----	1210
SM62A	...A-----C-----T-----T-----	...T...C-----A.....T-----A-----C-----	1213
HUMB670	228
SMMB670	...A-----T-----	...G-----T-----T-----T-----T-----C-----	1204
CONSENSUS-STM	GGA...GATCCAGAGGTACCTTCATGTGGACAAATTGC...	?G?GGAGAA.....TTTCTTTATTGCA	1202
STM	-----	...C-----T-----	1204
STMAK3	-----	...A-----A-----	37

HIV2/SIV ENV

CONSENSUS-A	AcaTGACttGGtTCcTcaAtTgGgTaGAa.....	aAcagaac????aatcagaca.....	1166
ROD	-A-----G.....	--T-AG--A.....	1236
885	-T-----A.....	--G-A.....	997
NIHZ	-G.....	--G-G..GG----A-	1215
ALI	-G-----	--A--G..GG---GA-	1230
ISY	-T-----	--AG--G..GG---A.....	1212
ST	-T-----	--G.....	1221
BEN	G--AG--C-A--	1236
D194	-T-----	--T-AG--G--C-A--	1209
CAM2	-C-----	--T-A-C-T...AC--	1239
CAM2BR	-C-----	--T-A-C-T...AC--	1245
D1024	-G-----A--G.....	--CATG--A-----	1233
D766	-A-----G.....	--TGTG--AG-----	1233
D808	-G.....	--A--TGCA-----	1221
D868	-A---G.....	--A--TGAG--GCA--	1233
GH1	--C-G.....	1212
CBL21	-----G-G.....	--C-A-----	1242
CBL22	--T-AG--G..GG-----	1230
CBL23	-----A-----	--T-AG--A-----	1221
CBL24	--G-A....ACA--T-----	1242
MDS	--T...G-A-C--	1272
CAM1	--A--T..GG-G-A-----	1233
CAM3	-T-----G.....	--TGAG--AG-----	1245
CAM4	--G-A..GGAGG-C--	1245
CAM5	--AG--G..GGC--GA-----	1218
CAM6	--A.....	1251
KR	-----C-----A-----	--GG-A....CC--	1215
D1071	-----A-----	--G-----CGCG--CAG-----	924
UC2	-----G-G.....	--G-G...GC-A-A-----	1251
UC3	-T-----T-A-C-----G.....	--T--A...GG----TT-----	399
UC5	--T-----G...C--AGA-----	399
UC6	-T----C-C---A-----G-----	--T--G-A....G-TC--	396
UC7	-----A-----	--T-AGC-G...C-----	399
UC8	-T----C-----A-C-----	--G--GG-A....ACA--T-----	399
UC9	-T-----A-----	C-G--C-A....CACA-TT-----	402
UC10	-----G-A-----	--G--TGATC-G--R-A-----	402
UC11	-T-----A-----	--A-----	399
UC12	-----A-----	--G.....GGT--G-----	399
UC14	--G--A....G-C-G-----	402
CONSENSUS-B	ATATGAc?TggTTcTTAAACTGGGTaGAg.....	AAC?AACa??aatacact.....	1178
UC1	-----C-----T-----G-----	--G-----GG-----	1236
D205	-----C-----	-----A-----	1245
EHOA	-----T-TT-----A-----	--T-G--TGGG-----	1227
GH2	-----AT-----	--A-----AGA-----	60
CONSENSUS-SD	AAATgAaTTGGTTcTaAATTGGGTagAagatAagg???	aatacaca?cTaac.....???????????	1244
MM251	-----G-----	--G-GT-A--C-----	1260
MM32HG-GT-A-----	1251
MM1A11	-----T-----	--G-----	1251
MM316ZQ	--G-----	1254
MM132ZL	--G-----	1254
MM239	--G-----	1254
MM142G-CT-A--C-----	1263
MM18101	--A-----	963
SEGA	--A-----	1254
SEGE	--A-----	1254
SEGJ	--A-----	1257
7FBE2	-A-----A--A-----	--G-----	1254
7FLG1	--G-----	1245
7FLN1	--G--T-----	1254
7FSE1	-----G-----	--G-----	1254
MNE	-----A-----	--A....CTGA--GGA.....ACTAC	1259
MNELN11	-----A-----	--A....CTGA--GGA.....ACTAC	965
MNESPL1	-----A-----	--A....CTGA--GGA.....ACTAC	950
MNELIV2	--CTGA--GGA.....ACTAC	965
PHTBE1	--G-----	1248
PHTLG1	--G-----	1248
P209C19	-G-----T-----G--C--AGACC-A-ATAG-----	.AGATGGAACAA	1274
P209C15	-----T-----G--C--AGACC-A-ATAG--G-----	.AGATGGAGCA	1274
SMMPB1	-----T-----A--TACAA--GGTT-----	.AGATGGACAAAG	1283
SMMH9	-----T-----Y--TAAAA--GGTT-----	.AGATGGACAAAG	1274
SMMH4	-----T-----G--C--AGACC-A-AGGG-GG-----	.AGATGGAACAA	1271
SM62A	-----T-----G--C--AGACC-A-A-CG-GG-----	.AGATGGATACA	1274
SMMB670	-----C--T-----G--G-----AAAC-TA-ATGG--GT-----	.ATATGGAAGCT	1265
CONSENSUS-STM	AAATGAATTGGTTCTTAATTGG?TAGAA.....	AAACAGAAAGTACAT?AGAAATGA?A?ATTGGAA	1259
STM	-----A-----	--C-----G-G-----	1265
STMKA3	-----G-----	--T-----A-A-----	98

CONSENSUS-AcagcacAAtTAtgtgcc?TGcCatATaaagCAaaTAaTtAAAtaCcTGG	1213
ROD-C-G-----CA-G-----C-A--	1284
885-CAG-----CA-G-----	1045
NIHZ-G-----CA-G-G-----G-----	1263
ALI-----CA-G-----	1278
ISY-T-C-G-G-----	1260
ST-----A-----	1269
BEN-G-G-C-----G-----	1278
D194-CGG-C-C-A-G-G-C-----	1257
CAM2-A-G-CA-A-G-C-----	1287
CAM2BR-A-G-CA-A-G-C-----	1293
D1024-TG-A-C-----	1281
D766-TG-A-G-C-----	1281
D808-TG-A-C-----	1269
D868-TG-A-C-----	1281
GH1-C-G-G-----	1260
CBL21-A-A-G-----	1290
CBL22-G-C-G-----	1278
CBL23-C-G-A-G-GA-C-----	1269
CBL24-TG-G-A-G-C-----	1290
MDS-TG-A-A-C-----	1320
CAM1-A-A-C-----	1281
CAM3-TG-A-G-C-----	1293
CAM4-----C-G-G-G-----	1293
CAM5-C-CA-G-T-G-G-T--	1266
CAM6-G-A-A-C-----	1299
KR-G-CA-G-G-----	1263
D1071-TG-T-A-C-----	972
UC2-G-C-C-A-G-G-----	1299
UC3-A-AGA-C-G-C-C-G-G-C-C-G--	447
UC5-A-C-C-G-----	447
UC6-A-AAGA-C-A-C-C-A-G-G-C-C-G--	444
UC7-A-G-----	447
UC8-A-A-G-C-C-C-A-G-G-C-C-G--	447
UC9-A-AA-G-C-G-C-C-A-GG-C-C-G--	450
UC10-C-G-C-G-G-G-----	450
UC11-C-A-----	447
UC12-R-C-G-----	447
UC14-G-G-A-----	450
CONSENSUS-B	???c?GAgAATTATG?GcCaTgCA?ATCAgACAGATA?TcAACACGTGG	1222
UC1-A-AG-T-A-G-C-A-G-----	1284
D205-G-C-T-T-A-----	1293
EHOACTCAA-C-T-C-G-----	1278
GH2-G-T-T-A-T-----	108
CONSENSUS-SD	?cagaaggccaaaggaaacagcataaaAggAATTAcGTgCCatGTATTA GACAaATAATCaACACtTGG	1313
MM251-G-G-G-----	1329
MM32H-G-G-----	1320
MM1A11-A-----	1320
MM316ZQ-T-----	1323
MM132ZL-----	1323
MM239-----	1323
MM142-G-A-----	1332
MM18101-----	1032
SEGA-A-C-----	1323
SEGE-C-----	1323
SEGJ-C-G-----	1326
7FBE2-----A.	1307
7FLG1-T-----C-----	1314
7FLN1-T-----	1323
7FSE1-----A-----	1308
MNE	C-C-G-----	1329
MNELN11	C-C-G-C-----	1035
MNESPL1	C-T-C-G-----	1020
MNELIV2	C-T-C-----	1035
PHTBE1-C-C-----	1317
PHTLG1-----A-----	1302
P209C19	A-A-G-G-A-G-G-A-T-----G-----	1344
P209C15	A-A-G-G-G-A-G-A-T-----G-----	1344
SMMPBJ	T-A-C-AG-A-G-GA-A-GG-A-T-----G-----G-----	1353
SMMH9	T-A-C-AG-A-G-GA-A-GG-A-T-----R-G-----G-----	1344
SMMH4	A-A-TAGG-A-G-A-G-G-AA-T-----G-----	1341
SM62A	A-A-A-G-GT-G-GA-G-G-AA-T-----G-----	1344
SMMB670	A-AG-CAAG-GA-G-G-G-A-T-----G-----A-----	1335
CONSENSUS-STM	CAAAAAC?AAAAGAAC?ACAA?A?GAATTATGT?CCATGCCACATCAGACAAGTAATTAAATAC?TGG	1322
STM	-----A-----A-G-G-----A-----A-----	1335
STMKA3	-----C-G-C-A-A-G-----T-----	168

HIV2/SIV ENV

CONSENSUS-A	CAtAagGTaGggaaaaatgTaTATTGCCTCCtAGgGaAGGggagtTgaccTGcaacTCaAcaGTgACcA	1283
ROD	-----G-----C-----C-T-----A-----	1354
885	--C-----C-----ACT-----T-----	1115
NIHZ	--C-G-----C-----C-----G-----	1333
ALI	--C--A-----A-----A-----A-----	1348
ISY	-----A-----T-----G-A-----	1330
ST	--C-----AC-----A-----T-----	1339
BEN	-----A-----G-----TG-A-----A-----	1348
D194	-----C-----C-----T-----A-----	1327
CAM2	-----G-----C-----	1357
CAM2BR	-----G-----C-----	1363
D1024	-----C-----C-----T-----	1351
D766	-----C-----C-----T-----	1351
D808	-----C-----C-----A-A-----T-----	1339
D868	-----C-----C-----T-----	1351
GH1	--C-----A-----AC-----	1330
CBL21	--C-----ACT-----T-----	1360
CBL22	-----A-----T-----	1348
CBL23	-----C-----A-----T-----	1339
CBL24	-----A-----T-----	1360
MDS	-----A-----A-G-----C-----A-----GT-----	1390
CAM1	-----G-----C-----	1351
CAM3	--A-----C-----A-----	1363
CAM4	--A-----GT-----G-----A-----	1363
CAM5	-----AA-----GA-----A-----A-T-----T-----A-----	1336
CAM6	-----G-----C-----	1369
KR	--GA-----CC-----A-----A-----GT-----A-----	1333
D1071	-----	975
UC2	-----C-T-----A-----	1369
UC3	--C-----T-----G-A-A-----T-----AC-TT-----T-----T-C-GT-----T-----	517
UC5	-----A-----A-----	517
UC6	--C-----T-A-----A-----A-----TA-TC-T-----T-----CT-C-AT-----T-----	514
UC7	--A-----A-G-----A-----	517
UC8	--C-----T-A-GC-----G-----A-----A-C-----T-----AC-T-----T-----T-C-AT-----T-----	517
UC9	--C-----T-A-G-----A-----A-----T-----C-CGTA-----T-----T-C-T-----T-----	520
UC10	--GA-----A-----A-----T-----C-----AC-----	520
UC11	--C-G-----G-----AC-----T-----	517
UC12	--A-----R-----A-----T-----	517
UC14	--C-----A-----	520
CONSENSUS-B	CACAAGgTTGG?A?AaAt?TaTATTGCCTCCAAGaGA?GGTgagCTcTC?TGTAATTCCAcTGTgAC?A	1286
UC1	-----A-A-T-CG-----G-G-----AC-----C-----G-----C-C-----	1354
D205	-----G-A-----A-----A-----A-----A-----T-----	1363
EHOA	--A-----A-G-----G-G-----G-----A-----C-----T-----C-----	1348
GH2	--A-----G-G-----A-----A-----CT-----A-A-----T-----	178
CONSENSUS-SD	CAtAAAGTAGGCAaAAATGTtTaTTTGCCTCCaAGaGAgGGAGACCTcACgTGTAAcTCCACaGTgACcA	1383
MM251	-----	1399
MM32H	-----	1390
MM1A11	-----T-----	1390
MM316ZQ	-----	1393
MM132ZL	-----	1393
MM239	-----	1393
MM142	-----	1402
MM18101	-----	1038
SEGA	-----	1393
SEGE	-----	1393
SEGJ	-----	1396
7FBE2	-----	1377
7FLG1	-----	1384
7FLN1	-----	1393
7FSE1	-----	1378
MNE	-----G-----T-----	1399
MNELN11	-----G-----T-----	1105
MNESPL1	-----G-----T-----	1090
MNELIV2	-----G-----T-----	1105
PHTBE1	-----	1387
PHTLG1	-----	1372
P209C19	--C-----A-----T-----G-----A-----G-----A-----T-----T-----A-----T-----	1414
P209C15	--C-----A-----T-----G-----A-----G-----A-----T-----T-----A-----T-----	1414
SMMPB1	--C-----G-----T-----G-----A-----G-----A-----T-----T-----A-----T-----	1423
SMMH9	--C-----G-R-----T-----G-----A-----G-----A-----T-----T-----A-----T-----	1414
SMMH4	--C-----A-----T-----G-----A-----G-----A-C-----T-----T-----A-----T-----	1411
SM62A	--C-----A-----T-----G-----A-----G-----A-----T-----T-----A-----T-----	1414
SMMB670	--C-----G-----T-----G-----A-----G-----A-----T-----T-----A-----T-----	1405
CONSENSUS-STM	CATA?AGTAGGGAA?AATGT?TATTGCCTCCAAGA?AAGGAGACCTTACTTGTAAATTCACTGTGACCA	1388
STM	-----A-----A-----T-----C-----	1405
STMKA3	-----G-----G-----G-----	238

CONSENSUS-A	GcaTaaTtGCtAACaTtgAc?????????g?t???aatcagaCa??????aatATTACCTTAGTGAGA	1334
ROD	-----TGGCAAAACAAAT-----C-----	1415
885	-----G---T...GTATTT-GCAAC---GG-----	1176
NIHZ	-----C---T.....CGGGAG---A-----	1388
ALI	--T-G-----ACG-A-GGC-C-----	1406
ISY	-T---C-----T...GTTGAT-GAGAT-C-G-----	1391
ST	-----GGA-GAGAG-C-----	1397
BEN	-----ATA-A-AAA---G---TCATACC-C-----	1412
D194	-----TCA-A-GGA---C.....C-----	1385
CAM2	-----GAGAGG-A-----ACA-----	1418
CAM2BR	-----GAGAGG-A.....ACA-----	1424
D1024	-----GGA-G-----	1406
D766	-----GGA-G-----	1406
D808	-----GGA-G-----	1394
D868	-----GGA-G-----	1406
GH1	-----GTAAATAG-----C-----	1388
CBL21	-----T...ACATAC-G-----C-----G-----	1418
CBL22	-----C-C-----T...GTAAAT-G-----A-----	1406
CBL23	-----T...GCAAAT-GA-----A-T.....G-----	1397
CBL24	-----C-----GTTAAAAA-----C-----	1418
MDS	-----GACAAGGAT-----	1448
CAM1	-----ACT-ACATG--CGGT--TGAGAC-----	1415
CAM3	-----GTGGAA-CA-----	1421
CAM4	--C-G-----ATGCGC--CG-TT-T...ACA-----	1421
CAM5	-----GACAAATATGCACAAG-C-----	1400
CAM6	-----AA.....GTG-AC-----G...TCA-----	1427
KR	-----ATGTT-GAT--C-----GC-----	1391
UC2	-----ACA-A-GGA-----C.....C-----	1427
UC3	-TC-C--A-C-----	534
UC5	-----G-----	534
UC6	-TC-C--A-C-----	531
UC7	-----	534
UC8	-TC-C--A-C-----	534
UC9	-TC-C--A-C-----	537
UC10	--T-G-----	537
UC11	-----C-----	534
UC12	-----	534
UC14	-----	537
CONSENSUS-B	GccTcATAGCCAACAT??AC??????tcaGataa?AA?g?tACc??????AATATT?C?gTGAGTGCAGA	1337
UC1	-T---T-----TG--GTGTAT-AT---GGC--T-A---AAGACC-----A-CA-----	1424
D205	-----CA-----C-----C...CAG-----ACC-----T-T-----	1421
EHOA	-----TG...TGGAT-----G--CCT--T.....A-T-----	1409
GH2	--A-----CA-----T-C-----T-C-----T-C-----	236
CONSENSUS-SD	GtCTCATAGCaaAcATagAt...TgGAttgATggaaAccAaACt.....AatATcacCATGAGTGCAGA	1444
MM251	-----C-----	1460
MM32H	-----C-----	1451
MM1A11	-----C-----	1451
MM316ZQ	-----	1454
MM132ZL	-----	1454
MM239	-----	1454
MM142	-----A.....C-----G-----	1463
SEGAG-----T-----	1454
SEGE	-----	1454
SEGJ	-----A--A-----	1457
7FBE2	-----A-----	1438
7FLG1	--AC-----G-----	1445
7FLN1	-----T-----	1454
7FSE1	-----	1439
MNE	-----	1460
MNELN11	-----	1154
MNESPL1	-----G-----	1151
MNELIV2	-----	1144
PHTBE1	-----	1448
PHTLG1	-----	1433
P209C19	--G-G-----CA--AAC--TG-G--C-----	1475
P209C15	--G-G-----CCA--AAC--TG-G--C-----	1475
SMMPB1	-C-----G-A-----CA-----C--TG-G--C-----	1484
SMMH9	-C-----G-A-----CA-----C-TA-G--C-----	1475
SMMH4	--G-G-----CA-A-C--TG-G--C-----	1472
SM62A	--G-G-----CCA--AAC--TG-G--C-----	1475
SMMB670	-C-----T--C.....C-----G-----C--T-----	1466
CONSENSUS-STM	GTATAATAGC?AACATTGAC...TGGACTAACATAATGAGACT.....AA?ATCACTGCAAGTGCAGA	1447
STM	-----A-----C-----	1466
STMKA3	-----G-----T-----	299

HIV2/SIV ENV

CONSENSUS-A	gGtGGcaGAaCTaTaccgAtTgGaattGGAATTAatAAaTTAGAaaTaACAcCaaTTggcTTcGCa	1404
ROD	-----A-----G-----G-----	1485
885	-----A-----A-----G-G-----CG-----	1246
NIHZ	--C-----G-----C-----C-----	1458
ALI	-----G-----A-----G-----G-----	1476
ISY	-----G-----G-----G-----C-----	1461
ST	-----A-----G-----GA-----G-----T-----	1467
BEN	A-----G-----A-----C-----C-C-----A-----	1482
D194	A-----G-----A-----G-----C-C-----GA-----G-----CCG-----	1455
CAM2	T-----G-----G-----G-----G-----	1488
CAM2BR	T-----G-----G-----G-----G-----	1494
D1024	-----G-----C-A-----G-----	1476
D766	-----C-----C-----C-C-----G-----	1476
D808	-----G-----G-A-T-----C-----G-----T-----G-----	1464
D868	-----A-----G-----G-----T-----	1476
GH1	-----A-----A-----A-----G-----	1458
CBL21	-----C-----G-C-----	1488
CBL22	-----	1476
CBL23	-----A-----G-----G-----	1467
CBL24	-----A-----G-----	1488
MDS	T-----A-----	1518
CAM1	-----	1485
CAM3	-----G-----G-----	1491
CAM4	-----T-----C-----A-----G-----T-----	1491
CAM5	-----T-----AA-----C-----	1470
CAM6	A-----G-----T-----C-----G-----	1497
KR	-----C-----	1461
UC2	-----G-----A-----C-C-----GA-----	1497
CONSENSUS-B	AGTGtcAGAACTGTAtAgAtTGGAACtgGGGGACTA?AAAtTAGTAGAAATAAACACCaATTGGCTTtGCA	1406
UC1	----GG-----C-----C-----G-----	1494
D205	-----T-----	1491
EHOA	-----A-----C-----G-----	1479
GH2	-----C-----CT-----T-----C-----	306
CONSENSUS-SD	gGTGGCAGAACTGTATcGATTGgAaTTGGGAGATTatAAATTAGTAGAgATcACTCCaATTGgCTTgGCC	1514
MM251	-----G-----G-----	1530
MM32H	-----	1521
MM1A11	-----	1521
MM316ZQ	-----	1524
MM132ZL	-----	1524
MM239	-----	1524
MM142	-----A-----	1533
SEGA	-----	1467
SEGE	-----	1467
SEGJ	-----	1470
7FBE2	-----A-----	1508
7FLG1	-----	1515
7FLN1	-----	1524
7FSE1	-----	1509
MNE	-----	1530
MNESPL1	-----	1167
PHTBE1	-----	1518
PHTLG1	-----	1503
P209C19	-----G-----C-----T-----	1545
P209C15	-----G-----C-----T-----	1545
SMMPBj	-----G-----C-----T-----C-C-----	1554
SMMH9	-----G-----C-----T-----C-----	1545
SMMH4	-----G-----C-----A-----T-----	1542
SM62A	-----G-----C-----T-----	1545
SMMB670	A-----A-----G-----	1536
CONSENSUS-STM	GGTGGCAGAACTGTATCGATTGGAATTGGGAGATTACAATT?GTAGAAATAACTCCAATTGGCTTGGCC	1516
STM	-----A-----	1536
STMak3	-----G-----	369

CONSENSUS-A	CCTACa?cagaaaaaaGatActcctCt?? .gctCcaggGAa?ataaaagaGGTgttcGTGCTAGGgt	1469
ROD	-----AA-----AC-----C-----C-----	1552
885	-----C-C-----AC-----	1275
NIHZ	-----T-T-G-----ACCA-----C-----C-----T-----	1525
ALI	-----T-----GG-----A-----A-----GA-----C-----	1543
ISY	-----G-----C-----G-----C-T-----	1528
ST	-----C-T-----T-GA-----A-----	1534
BEN	-----GATC-G-G-G-----A-A-----T-GA-C-----	1549
D194	-----AA-G-----T-G-----T-GA-C-----	1522
CAM2	-----T-C-----G-----C-----AC-----CC-----C-T-----	1555
CAM2BR	-----T-C-----G-----C-----AC-----CC-----C-T-----	1561
D1024	-----T-T-C-----AC-----C-CG-----	1521
D766	-----T-CC-----AC-----C-CG-----	1524
D808	-----T-C-GG-----AC-----C-G-GAG-----	1512
D868	-----C-C-T-----ACA-----C-CCG-----	1525
GH1	GAG-G-----T-G-----T-GA-C-----T-----	1525
CBL21	-----T-T-----GA-----CC-----	1555
CBL22	-----A-G-----A-AT-GA-G-----A-G-----	1543
CBL23	-----G-----A-AT-GA-C-G-----	1534
CBL24	-----T-C-CT-----T-AA-GA-----	1555
MDS	-----C-C-----AC-C-----T-----	1585
CAM1	-----A-C-G-----AT-C-G-----T-----	1552
CAM3	-----T-GC-----ACAA-C-C-----	1558
CAM4	-----GATC-G-----C-----A-ACA-GAG-----	1558
CAM5	-----T-----G-----A-----	1537
CAM6	-----GA-C-C-----A-AT-C-A-----	1564
KR	-----T-G-T-----CA-GA-----T-----AG-----	1528
UC2	-----AGT-----T-G-C-GA-C-----C-----	1564
GB1222	-----C-T-----	19
CONSENSUS-B	CCTACAgat?TAAaAAGATA?TCCTCA...gtgA?aCCgAGgAAatAAAAGAGGTGTA?TgGTGCTaGG?T	1468
UC1	-----GA-----T-----AC-C-----A-----G-----	1561
D205	-----G-G-C-----A-A-----A-----A-----A-----	1558
EHOA	-----AG-A-----T-----C-----C-T-----G-----	1546
GH2	-----AG-----C-----AT-T-A-C-----C-----G-A-----	373
CONSENSUS-SD	CCCACAAaTGTgAagAGGTACaCtACtgGcaCCTCAAGAAATAAaAGAGGGGTCTTGCTAGGGT	1584
MM251	-----G-----	1600
MM32H	-----G-----	1591
MM1A11	-----G-----	1591
MM316ZQ	-----G-----	1594
MM132ZL	-----G-----	1594
MM239	-----G-----	1594
MM142	-----G-----	1603
7FBE2	-----G-----	1565
7FLG1	-----GG-----C-----	1572
7FLN1	-----G-----	1581
7FSE1	-----	1566
MNE	-----	1600
PHTBE1	-----	1575
PHTLG1	-----G-----G-----	1560
P209C19	-----G-A-GA-----C-AAC-TG-----G-----	1615
P209C15	-----G-A-GA-----C-AAC-TG-----G-----	1615
SMMPBJ	-----G-A-A-----C-AAC-TG-----	1624
SMMH9	-----G-A-A-----C-AAC-TG-----	1615
SMMH4	-----G-A-GA-----C-AAC-TG-----G-----	1612
SM62A	-----G-A-GA-----C-AAC-TG-----G-----	1615
SMMB670	-----A-GA-----C-AAC-TG-----G-----	1606
CONSENSUS-STM	CCAACGAATGTGAAGAGATAACACAACTAGT...ACCTCAAGAAACTAAGAGAGGGTCTCGTGCTAGGGT	1583
STM	-----	1603
STMKA3	-----	436

HIV2/SIV ENV

CONSENSUS-A	TCtTgGGTTTCTCgCaaCagcaGGttcTGCaATGGGcgccgcgtCctTgACgcTGTcgGCtCAgtCtcG	1539
ROD	-----C---CG-----C--	1622
NIHZ	--C-A-----C-----A-----	1595
ALI	-----G-----A-----AG-T-A-----T-----	1613
ISY	--C-A-----A-G-----G-----G-----TC-----	1598
ST	-----A-----A-G-----AG-----	1604
BEN	-----G-----CG-----C-----A-C-----C-----	1619
D194	-----G-----GC-----	1592
CAM2	-----A-----AGT-----A-----A-C-----	1625
CAM2BR	-----A-----AGT-----A-----A-C-----	1631
GH1	-----G-----C-----C-----	1595
CBL21	-----A-----AG-----	1625
CBL22	-----G-----TC-----C-----	1613
CBL23	-----C-----A-----	1604
CBL24	-----A-----A-----G-----	1625
MDS	-----A-----G-----C-----	1655
CAM1	-----A-----GT-----A-A-----T-----	1622
CAM3	-----A-----G-----C-----	1628
CAM4	-----G-----C-----A-----A-----C-A-----A-C-----C-----	1628
CAM5	-----G-----CG-----T-----	1607
CAM6	-----A-----G-----C-----C-----	1634
KR	-----A-----C-----TC-CG-----	1598
UC2	-----G-----C-----A-----C-----	1634
GB1222	-----G-----CG-----C-----	89
CONSENSUS-B	TcTTGGGAtTcCTTGCaAtGGCAGGTTCTGCAATGGGCGCaacgTC?TTGACGcTGTcGaGCTCAGTCCG	1537
UC1	-----C-T-----C-----	1631
D205	-----T-----	1628
EHOA	-T-----G-C-----GG-----C-----T-----G-----	1616
GH2	-----GC-----T-----	443
CONSENSUS-SD	TCTTgGGTTTCTCGCaACaGCAGGTTCTGCAATGgGCGCGGCGTCgtTGACGcTGTcCcGCTCAGTCCG	1654
MM251	-----G-----A-----	1670
MM32H	-----G-----A-----A-----A-----	1661
MM1A11	-----G-----A-----	1661
MM316ZQ	-----G-----A-----	1664
MM132ZL	-----G-----A-----	1664
MM239	-----G-----A-----	1664
MM142	-----G-----CG-----A-----	1673
MNE	-----A-----G-----A-----	1670
P209C19	-----G-----C-----CG-----G-----	1685
P209C15	-----G-----C-----CG-----G-----	1685
SMMPBJ	-----G-----A-----CG-----G-----	1694
SMMH9	-----G-----G-----	1685
SMMH4	-----G-----CG-----G-----	1682
SM62A	-----G-----CG-----G-----	1685
SMMB670	-----C-----	1676
CONSENSUS-STM	TCTTGGGTTTCTCGGACAGCAGGTTCTGCAATGGGCGCAGCGTCGCTGACGCTGACGGCTCAGTCCG	1653
STM	-----	1673
STMKA3	-----	506

CONSENSUS-A	gacTTtactggccGGGATAGTGCAGCAACAGCAACAGCTGtTgGAcgTgGTCAAAGACAACAAaTG	1609
ROD	-----C-----	1692
NIHZ	-----T-----T-----	1665
ALI	-----T-----A-----G-----	1683
ISY	-----T-CCGT-----	1668
ST	-----T-----	1674
BEN	-----A-----	1689
D194	-----	1662
CAM2	-----T-----A-----T-----	1695
CAM2BR	-----T-----A-----T-----	1701
GH1	-----A-----	1665
CBL21	-----T-----A-----	1695
CBL22	-----T-----	1683
CBL23	-----G-----	1674
CBL24	-----T-----A-----	1695
MDS	-----	1725
CAM1	-----A-----G---T--	1692
CAM3	-----	1698
CAM4	-----G-----	1698
CAM5	-----T-----	1677
CAM6	-----T-----A-----	1704
KR	ACT--ACTG---T-----	1668
UC2	-----A-A-----C-----	1704
5132E2	-----A-----	27
FA	-----	27
GB1222	-----G-----	159
CI171	-----	27
CI9	-----A-A-----	27
ISO53	-----	27
VI390	-----A-----	27
VI905	-----C-----	27
CONSENSUS-B	GACTTACTGGCtGGGATAGTGCAGCAGCAACAGCTg?TGGACGTGGTCAAAGACAACAgGAAC TG	1606
UC1	-----C-----	1701
D205	-----C-----CTG-----	1698
EHOA	-----CG-----A-----	1686
GH2	-----C-----	513
JA	-----	27
ON	-----	27
CONSENSUS-C	GACGTGGTCAAAGACAACAGGAAATG	27
2238	-----	27
CONSENSUS-D	GACGTGGTCAAGAGACAACAAGATTG	27
F0784	-----	27
CONSENSUS-SD	gACtTTgTTGGCtGGGATAGTGCAGCAACAGCAACAGCTGTTGGAtGTGGTCAAAGACAACAA GAAATTG	1724
MM251	-----A-----C-----	1740
MM32H	-----A-----C-----	1731
MM1A11	-----A-----T-----C-----	1731
MM316ZQ	-----A-----C-----C-----	1734
MM132ZL	A---C---A-----C-----	1734
MM239	A-----A-----C-----	1734
MM142	-----A-----C-----	1743
MNE	-----A-----C-----	1740
P209C19	-----	1755
P209C15	-----C-----T-----	1755
SMMPBJ	-----	1764
SMMH9	-----	1755
SMMH4	-----	1752
SM62A	-----	1755
SMMB670	-----	1746
CONSENSUS-STM	GACTTTATTG?CTGGGATAGTGCAGCAACAGCAACAGCTGTTGGACG?GGTCAAGAGACAACAAGAATTG	1721
STM	-----A-----T-----	1743
STMAK3	-----G-----C-----	576
CONSENSUS-A	gacTTtactggccGGGATAGTGCAGCAACAGCAACAGCTGtTgGAcgTgGTCAAAGACAACAA GAAaTG	1609
BA_7312A	-----	27
CONSENSUS-U	GACGTGGTCACGAGACAACAAGAACTG	27
SMCI2	-----	27
SMCI8	-----	27

HIV2/SIV ENV

CONSENSUS-A	TTGCGAcTGACCgTCTGGGGaaCaAAAAatCTCCAGgCAAGAGTCActGCTATcGAGAagTACtTAagg	1679
ROD	-----G-----C-----A-----C-C-----	1762
NIHZ	-----G-----A-----C-----	1735
ALI	-----G-----A-----	1753
ISY	-----T-----C-----T-----C-GCA-----	1738
ST	-----G-----C-----A-----	1744
BEN	-----T-----G-----A-----	1759
D194	-----T-----G-----A-----	1732
CAM2	-----T-----A-----C-----	1765
CAM2BR	-----A-----C-----	1771
GH1	-----G-----	1735
CBL21	-----G-----C-----T-----A-----	1765
CBL22	-----G-----C-----	1753
CBL23	-----G-----	1744
CBL24	-----A-----	1765
MDS	-----A-----C-----	1795
CAM1	-----A-----C-----	1762
CAM3	-----T-----A-----A-----C-----	1768
CAM4	-----G-----A-----	1768
CAM5	-----G-----	1747
CAM6	-----G-----A-----C-----	1774
KR	-----A-----A-----C-----G-----	1738
UC2	-----G-----	1774
5132E2	-----G-----	97
FA	-----T-----A-----	97
GB1222	-----A-----A-----C-----	229
CI171	-----G-----A-----	97
CI9	-----G-----	97
ISO53	-----A-----GA-----	97
VI390	-----T-----G-G-----A-----	97
VI905	-----G-----A-----A-----C-----	97
CONSENSUS-B	TtgCGGCTGACCGTCTGGGGaCgAAACCTCCAgCAAGAGTCACTGCcATCGAGAAATAccTaAAGG	1676
UC1	-----A-----	1771
D205	-----G-----	1768
EHOA	-----G-----T-C-A-----	1756
GH2	-GT-----A-G-----	583
JA	-----A-----	97
ON	-----T-----	97
CONSENSUS-C	TTGCGGCTGACCGTCTGGGGACTAAAACCTCCAGACTAGAGTCACTGCCATCGAGAAGTACCTAAAGG	97
2238	-----	97
CONSENSUS-D	TTGCGACTGACCGTCTGGGGACTAAAACCTCCAGACTAGAGTCACTGCTATCGAGAAGTACCTAAAGG	97
F0784	-----	97
CONSENSUS-SD	TTGCGAcTGACCGtCTGGGGAAcTAAGAACCTCCAGACTAGaGTcAtTGCTATCGAGAAGTACcTaAAGG	1794
MM251	-----A-----G-----C-----T-----	1810
MM32H	-----A-----G-----C-----T-----	1801
MM1A11	-----A-----G-----C-----A-T-----	1801
MM316ZQ	-----A-----G-----C-----T-----	1804
MM132ZL	-----A-----G-----C-----T-----	1804
MM239	-----A-----G-----C-----T-----	1804
MM142	-----A-----G-T-C-----T-----	1813
MNE	-----A-----C-----T-----	1810
P209C19	-----	1825
P209C15	-----A-----	1825
SMMPBj	-----G-----	1834
SMMH9	-----	1825
SMMH4	-----	1822
SM62A	-----	1825
SMMB670	-----T-----G-----	1816
CONSENSUS-STM	TTGCGACTGACCGTCTGGGGACCAAGAACCTCCAGACTAGAGTCACTGCTATCGAGAAATAccTAAAGG	1791
STM	-----	1813
STMAK3	-----	646
CONSENSUS-A	TTGCGAcTGACCgTCTGGGGaaCaAAAAatCTCCAGgCAAGAGTCActGCTATcGAGAagTACtTAagg	1679
BA_7312A	-----T-----A-----	97
CONSENSUS-U	TTGCGACTGACCGTCTGGGGACTAAAACCTCCAGACTAGAGTCACTGCCATCGAGAAATAccTAAAGG	97
SMCI2	-----	97
SMCI8	-----	97

CONSENSUS-A	AcCAGGCgCagcTAAATTCaTGGGGaTGtgcgTTtAGaCAaGTCTGCCACACtaCTGtaCcATggtaAA	1749
ROD	-----G-----T-----	1832
NIHZ	-----T-----	1805
ALI	-----G-----A-----	1823
ISY	-----GA-----	1808
ST	-----A-----	1814
BEN	-----T-----A-----G-----G-----	1829
D194	-----A-----G-G-----	1802
CAM2	-----T-----A-----C-----	1835
CAM2BR	-----T-----A-----C-----	1841
GH1	-----A-----T-----G-----G-G-----	1805
CBL21	-----C-----G-----	1835
CBL22	-----G-----A-----G-----	1823
CBL23	-----A-----A-----	1814
CBL24	-----G-----	1835
MDS	-----A-----G-----	1865
CAM1	-----TA-----A-C-----	1832
CAM3	-----A-A-----C-----	1838
CAM4	-----A-----C-T-----G-----C-----	1838
CAM5	-----A-G-----A-----G-----AC-----	1817
CAM6	-----A-----	1844
KR	-----G-----A-----T-----C-----T-----A-----	1808
UC2	-----A-----A-----G-G-----T-----	1844
5132E2	-----A-----G-G-----	167
FA	-----A-----C-----G-----	167
GB1222	-----CG-----	299
CI171	-----G-G-----T-----	167
CI9	-----A-----G-----G-G-----	167
ISO53	-----C-----T-----	167
VI390	-----A-----G-G-----	167
VI905	-----A-----C-----G-----	167
CONSENSUS-B	AcCAGGCAC?ACTAAAtTCgTGGGGATGTGCTTT?AGaCAGGTcTGtCACACgACTGTACCATGGccaAA	1744
UC1	-----T-----T-----G-----T-----	1841
D205	-----T-----A-----A-----C-----	1838
EHOA	-----A-----A-----C-----	1826
GH2	-----T-----A-----C-----	653
JA	-----T-----C-----T-----A-----	167
ON	-----T-----T-----C-----	167
CONSENSUS-C	ACCAAGCAAAACTAAATTCAATGGGGATGTGCCTTAGACAGGTTGCCACACTACTGTGCCATGGGTGAA	167
2238	-----	167
CONSENSUS-D	ACCAGGCGCAGCTAAATTCAATGGGGATGCGCGTTAGACAGGTCTGCCACACCACGTAGAACATGGCCAAA	167
F0784	-----	167
CONSENSUS-SD	ATCAGGCGCagcTaAATTcaTGGGGATGTGCTTTAGGCAaGTCTGcCACACTACtGTAcCATGGCCAAA	1864
MM251	-----C-----G-T-----G-----A-----	1880
MM32H	-----C-----G-G-T-----G-----A-----	1871
MM1A11	-----C-----G-G-T-----G-----A-----	1871
MM316ZQ	-----C-----G-----G-T-----G-----A-----	1874
MM132ZL	-----C-----G-----G-T-----G-----A-----	1874
MM239	-----C-----G-----G-T-----G-----A-----	1874
MM142	-----C-----G-----G-T-----G-----A-----T-----	1883
MNE	-----C-----G-----G-T-----A-----A-----T-----	1880
P209C19	-----	1895
P209C15	-----	1895
SMMPBJ	-----	1904
SMMH9	-----CRN-----G-----A-----	1895
SMMH4	-----	1892
SM62A	-----	1895
SMMB670	-----	1886
CONSENSUS-STM	ATCAGGCACAGCTAAATTCTTGGGGATGTGCCTTAGACAGGTCTGCCACACCACGTACCACATGGCCAAA	1861
STM	-----	1883
STMAK3	-----	716
CONSENSUS-A	AcCAGGCgCagcTAAATTCaTGGGGaTGtgcgTTtAGaCAaGTCTGCCACACtaCTGtaCcATggtaAA	1749
BA_7312A	-----A-----G-----	167
CONSENSUS-U	ATCAGGCACGGCTAAAT?CTTGGGGATGTGCATTAGACAAGTCTGCCACACTACGGTACCTTGGGA?AA	165
SMCI2	-----G-----A-----	167
SMCI8	-----T-----G--	167

HIV2/SIV ENV

CONSENSUS-A	TgactcctTaacaCCtgatTGGaacAAtATGACaTGGCAggAaTGGGaacaacaagtCCgctaCCTaGAg	1819
ROD	---T-----G-----C-----G-----A-----G-----	1902
NIHZ	---TA---G-----G-----A-----G-----	1875
ALI	-A-----A-----G-----C-----G-----A-----G-----T-----	1893
ISY	---A-----G-----C-----A-----A-----CA-----A-----T-----	1878
ST	---A-----G-----C-----G-----G-----G-----A-----A-----	1884
BEN	-----T-----T-----G-----C-----A-----G-----GA-----	1899
D194	-----C-----A-----G-----A-----G-----A-----A-----	1872
CAM2	-----G-----T-----A-----G-----A-----G-----G-----	1905
CAM2BR	-----G-----T-----A-----G-----A-----G-----G-----	1911
GH1	-----T-----T-----G-----C-----A-----A-----	1875
CBL21	-----A-----CA-----C-----A-----A-----A-----	1905
CBL22	-----AGA-----G-----C-----GA-----	1893
CBL23	-----TA-----G-----G-----A-----GGCA-----A-----G-----G-----	1884
CBL24	-----T-----CA-----C-----C-----G-----C-----	1905
MDS	-AGT-----GA-----G-----A-----A-----G-----G-----	1935
CAM1	-----T-----GC-----A-----G-----G-----G-----	1902
CAM3	-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----G-----	1908
CAM4	-----T-----T-----A-----A-----G-----T-----G-----AC-----T-----G-----T	1908
CAM5	-----T-----T-----C-----C-----CA-----A-----TG-----	1887
CAM6	-----T-----G-----G-----GA-----G-----G-----	1914
KR	-A-----AG-----A-----GT-----C-----G-----AC-----G-----	1878
UC2	-----T-----AGA-----A-----A-----	1914
5132E2	-----T-----G-----C-----G-----A-----GG-----G-----	237
FA	-----AG-----G-----C-----G-----C-----A-----G-----	237
GB1222	-----T-----T-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----	369
CI171	-----T-----G-----C-----A-----A-----G-----GATG-----	237
CI9	-----T-----G-----G-----C-----GG-----	237
ISO53	-----A-----C-----C-----G-----C-----A-----	237
VI390	-----AG-----C-----C-----G-----CGA-----G-----T-----	237
VI905	-----A-----CA-----C-----G-----C-----A-----T-----	237
CONSENSUS-B	TGAAacTtcTcaaaCCAgAcTGGa?AACATGACATGGCAaCAgTGGGAAAagcaaGTC?atTtCTTGGAt	1812
UC1	-----C-----G-----A-----G-----A-----	1911
D205	-----C-----C-----A-----T-----T-----C-----	1908
EHOA	-----T-----C-----T-----G-----T-----A-----G-----G-----CGC-----	1896
GH2	-----C-----T-----C-----G-----G-----A-----A-----A-----	723
JA	-----C-----T-----A-----C-----A-----G-----C-----A-----G-----A-----C-----A-----	237
ON	-----A-----G-----C-----G-----A-----GCAA-----G-----C-----A-----	237
CONSENSUS-C	CGACAGTATGCAGCCAGAGTGGCAAAACATGACTTGGCAACAATGGGAAAAACAGATTGCCTTCTGGAG	237
2238		237
CONSENSUS-D	TAGTACTCTCACACCTGACTGGAACAAATATGACTTGGCAGGAGTGGAAAGACAGTTGATTCTAGAG	237
F0784		237
CONSENSUS-SD	TGaaaacatTgacaCCtaatTGGaaCAAtatgAcTTGGCAAgAGTgGGAgagaaAGGTtgACTtCcTaGAg	1934
MM251	---C-----GTC-----A-----AG-----C-----GAT-----C-----A-----T-----G-----	1950
MM32H	---C-----GTC-----A-----AG-----C-----GAT-----C-----A-----T-----G-----	1941
MM1A11	---C-----GTC-----A-----A-----G-----GA-----C-----A-----T-----G-----	1941
MM316ZQ	---C-----GTC-----A-----A-----G-----GA-----A-----C-----T-----G-----	1944
MM132ZL	---C-----GTC-----A-----A-----G-----GA-----C-----A-----T-----G-----	1944
MM239	---C-----GTC-----A-----A-----G-----GA-----C-----A-----T-----G-----A-----	1944
MM142	---C-----GTC-----A-----AG-----GA-----C-----G-----T-----G-----	1953
MNE	---C-----ATC-----A-----A-----GA-----C-----A-----T-----G-----	1950
P209C19	---CT-----GTG-----T-----G-----C-----A-----C-----C-----	1965
P209C15	---CT-----GTG-----T-----G-----C-----A-----C-----C-----	1965
SMMPBJ	---C-----C-----A-----A-----C-----GA-----	1974
SMMH9	---C-----RC-----Y-----A-----A-----C-----GA-----	1965
SMMH4	-----GTG-----A-----C-----	1962
SM62A	-----GTG-----G-----A-----C-----	1965
SMMB670	---T-----GTG-----G-----C-----A-----C-----C-----	1956
CONSENSUS-STM	TGA?TCTTGGTACCGGATTGGAAACAATATGACATGGCAGGAATGGGAGAGAAAGGTTGACTTCTTGAG	1930
STM	-----T-----	1953
STMAK3	-----C-----	786
CONSENSUS-A	TgactcctTaacaCCtgatTGGaacAAtATGACaTGGCAggAaTGGGaacaacaagtCCgctaCCTaGAg	1819
BA_7312A	---AG-----G-----C-----G-----AC-----A-----A-----G-----G-----	237
CONSENSUS-U	T?ACACTTGCAACCTGATTGGAAATAATGACTTGGCAAGAATGGGAAATAAGATCAGAGATCTGGAG	234
SMCI2	-----A-----	237
SMCI8	-----G-----	237

CONSENSUS-A	GCAAATATCAGT?aaagttTaGAacAgGCaCAAaTtCAgCAaGAAAAGAAtAtgTATGAcTaCAAAat	1888
ROD	-----A-----G-A-----	1972
NIHZ	-----C-----C-----A-----G-----	1945
ALI	-----G-CAG-----CA-----	1963
ISY	-----G-G-----C-----G-G-----GC	1948
ST	-----G-----C-----C-----	1954
BEN	-----C-----G-A-C-----A-----T-----	1969
D194	-----C-----A-----C-----	1942
CAM2	-----C-----G-----C-----	1975
CAM2BR	-----C-----G-----C-----	1981
GH1	-----C-----A-----T-----GC	1945
CBL21	-----AC-----A-----C-----T-----	1975
CBL22	-----GGCCAG-----C-----G-G-----C	1963
CBL23	-----C-CAA-----A-----	1954
CBL24	-----G-CTG-----C-----G-----G-	1975
MDS	-----C-AG-----G-----C-G-C-C-----G	2005
CAM1	-----C-----G-----C-A-G-----G-----G-----	1972
CAM3	-----G-TG-----C-----G-----	1978
CAM4	-----C-CT-----C-----G-----G-----G-----	1978
CAM5	-----G-C-C-----A-----C-----C-----G-----C	1957
CAM6	-----C-----C-----G-----C-----GT-----	1984
KR	-----AG-TCG-----G-----C-A-G-A-----G-----	1948
UC2	-----C-C-G-----A-----T-----	1984
5132E2	-----C-----A-----G-A-----T-----C	307
FA	-----G-G-----C-----C-----	307
GB1222	-----G-AC-----A-----G-----A-----GT-----	439
CI171	-----C-CAG-----A-----T-----C	307
CI9	-----G-TC-----A-----G-----T-----	307
ISO53	-----G-CAA-----G-----G-----C-----G-G-----	307
VI390	-----C-CAG-----G-G-----C-A-G-A-----T-----	307
VI905	-----GC-----C-----	307
CONSENSUS-B	GCAAATATAACAg?a?TatTAGAAGAgGC?CAGATACAaCA?GAAAaGAACATGTATGA?tTaCAGAAAt	1877
UC1	-----CCC-G-----T-----A-G-----A-----	1981
D205	-----G-CTC-G-----T-----G-----A-----A-----A	1978
EHOA	-----AA-T-C-----A-----A-----G-----	1966
GH2	-----CTC-----A-T-----A-----A-G-----C	793
JA	-----CA-T-----A-----G-G-----T-----GC-----	307
ON	-----CA-T-----A-A-----G-G-----T-----GC-----	307
CONSENSUS-C	GATAATATCACAGAGCTGTTAGCAAGCTCAAATACAGCAGGAGAAAAATATGTATGAGTTGCAGAAAT	307
2238		307
CONSENSUS-D	GCAAATATAACACAATTATTAGAGGAAGCACAATTCAAGCAGGAGAAAAACATGTATGAGTTACAAAAC	307
F0784		307
CONSENSUS-SD	GCAAATATAACt?aa.?t?tTaGAaGAaGCACAAattCAgCAaGAAAAGAAtAtGTatGAAATTgCAAAAt	2001
MM251	-A-----AGCCC-CC-----G-----A-G-----C-----A-----G-	2020
MM32H	-A-----AGCCC-CC-----G-----A-G-----C-----A-----G-	2011
MM1A11	-A-----AGCCC-CC-----G-G-----A-G-----C-----A-----G-	2011
MM316ZQ	-A-----AGCCC-CC-----G-G-----A-G-----C-----A-----G-	2014
MM132ZL	-A-----AGCCC-CC-----G-G-----A-G-----C-----A-----G-	2014
MM239	-A-----AGCCC-CC-----G-G-----A-G-----C-----A-----G-	2014
MM142	-----GGCCC-CC-----G-----A-G-----C-----A-----G-	2023
MNE	-A-----GGCCC-T-----G-----A-----C-----A-----G-	2020
P209C19	-----C-T-A-----T-----C	2035
P209C15	-----C-T-A-----T-----C	2035
SMMPBj	-----C-TCA-G-----C-----	2044
SMMH9	-----S-TYA-G-----M-----	2035
SMMH4	-----C-T-A-----	2032
SM62A	-----C-T-A-----	2035
SMMB670	-----C-A-G-G-----G-----G-----	2026
CONSENSUS-STM	GCAAATATAACACAACt?TTAGAAGAGCTCAAGTTCAACAGGAAAAGAATATGTATGAGTTGCAGAAAC	1999
STM	-----G-----	2023
STMAK3	-----A-----	856
CONSENSUS-A	GCAAATATCAGT?aaagttTaGAacAgGCaCAAaTtCAgCAaGAAAAGAAtAtgTATGAcTaCAAAat	1888
BA_7312A	-----G-C-----C-----C-----T-----	307
CONSENSUS-U	GCAAATATCTCAGAA?ATTGGAG?A?GCACAAATACAACAGAAAAGAA?ATGTATGAGTTGCAGAA?T	298
SMCI2	-----TC-----G-G-----T-----A-----	307
SMCI8	-----AA-----A-C-----C-----G-----	307

HIV2/SIV ENV

CONSENSUS-A	TaAAAtAgCTgGGAtgTttTTggcAACtGtTTGActTaaCCtCCTgGaTcaa?TAtaTTCaAATGGaGT	1957
ROD	-----A-----T-----G---G-----	2042
NIHZ	-----AC---T---C---C---G---GG-----	2015
ALI	-----AC-----C-----G-----G-----	2033
ISY	-----T-----G-----	2018
ST	-----T-----A-----G-----	2024
BEN	-----A-C-----G---G-----	2039
D194	-----C-----T-G-----A-----	2012
CAM2	-----C-A-----AC-----GC-----	2045
CAM2BR	-----A-----AC-----GC-----	2051
GH1	-----C-----T-----G-----	2015
CBL21	-----T-----GA-----	2045
CBL22	-G-----A-G-----	2033
CBL23	-----T-----G-----	2024
CBL24	-----G-----G-----G-----	2045
MDS	-----C-----A-----T-----G-----	2075
CAM1	-----G-----	2042
CAM3	-----CA-----T-GG-----	2048
CAM4	-G-----A-----T-----T-GG-C-----	2048
CAM5	-----A-----T-----GA-----G-----	2027
CAM6	-----C-----G-----G-----	2054
KR	-----T-----T-G-----G-----	2018
UC2	-----C-----T-----A-----G-----	2054
5132E2	-----C-----A-----	377
FA	-----C-----T-----G-----A-----G-----	377
GB1222	-----C-----G-----A-----C-----	509
CI171	-----C-A-T-----A-----T-----A-----A-----G-----	377
CI9	-----C-----TC-----A-----	377
ISO53	-----T-----A-----G-----	377
VI390	-----C-----T-G-----A-----	377
VI905	-G-----A-----A-C-----G-----GGC-----G-----	377
CONSENSUS-B	TaAAAt ??cTGGGATgTTTTtgGTAATTGGTTgACtTCACCTCCTGGATggcAtAcaTca?gTTAGGAcT	1944
UC1	-----AG-----	2051
D205	-----AG-----C-----AAA-----T-----CAT-----	2048
EHOA	-----CAA-----A-----CA-----G-----T-----	2036
GH2	-----AG-----C-----C-----AAA-----T-----CAT-----	863
JA	-----CCA-----AA-----	377
ON	-G-----CAG-----A-----C-----C-T-G-----	377
CONSENSUS-C	TAAATAGCTGGGATGTTTGCAATTGGCTTGATCTCACCTCTGGTAAATATATCTATTAGGATT	377
2238	-----	377
CONSENSUS-D	TAAATAACTGGGATATATTGGCAACTGGTTGACCTTACTTCTGGATTAAGTATATACAGTATGGAGT	377
F0784	-----	377
CONSENSUS-SD	TaAaTAGctGGGAT?T?TTtGGCAATTGGtTTGACCTaCTTcTTGGATAaaTATATACAATAtGGtgT	2069
MM251	-G-----G-G-----G-----G-----AA-----	2090
MM32H	-G-----G-G-----G-----G-----A-----	2081
MM1A11	-----G-G-----G-----G-----A-----	2081
MM316ZQ	-G-G-----G-G-----G-----G-----A-----	2084
MM132ZL	-G-----G-G-----G-----G-----A-----	2084
MM239	-G-----G-G-----G-----G-----A-----	2084
MM142	-G-----G-G-----G-----G-----AA-----	2093
MNE	-G-----G-G-----G-----GG-----C-A-----	2090
P209C19	-----A-C-----G-----	2105
P209C15	-----A-C-----G-----	2105
SMMPBJ	-----A-T-----	2114
SMMH9	-----SK-----N-T-Y-----K-----Y-----	2105
SMMH4	-----A-C-----G-----	2102
SM62A	-----A-C-----G-----	2105
SMMB670	-----A-T-----G-----	2096
CONSENSUS-STM	TAAATAGCTGGGATGTATTGGCAATTGGTTGACCTT?CCTCTGGTAAAGATACATAACATATGG?GT	2067
STM	-----A-----A-----	2093
STMAK3	-----G-----G-----	926
CONSENSUS-A	TaAAAtAgCTgGGAtgTttTTggcAACtGtTTGActTaaCCtCCTgGaTcaa?TAtaTTCaAATGGaGT	1957
BA_7312A	-----T-G-----G-A-----G-----	377
CONSENSUS-U	TAAATAGCTGGGATGTGTTGGCAAC?GGTTGATTTACCTCTGGTCAAATATATCTATAGGATT	367
SMCI2	-----C-----	377
SMCI8	-----T-----	377

CONSENSUS-A	ttataTAgtAGaaTaaTAGcttTaAGAAATAgtaaTaTAtgTAGTaCaaaTgtTAAAGTAGAcTtAGa	2027
ROD	GCT---A---C-G-----G-----G-----	2112
NIHZ	---G-----G-----A-----G-----	2085
ALI	-----A-----G-----C-T-----G-----G-C-G	2103
ISY	CATG-----G-----C-C-----C-----	2088
ST	-----T-----	2094
BEN	GC-----G-----C-C-----G-T-----T-----	2109
D194	-----G-----CC-----A-----G-T-----	2082
CAM2	-----T-----C-----G-----	2115
CAM2BR	-----T-----C-----	2121
GH1	-----G-G-----T-----C-----A-----G-T-----	2085
CBL21	-----C-T-----A-----T-----G-----	2115
CBL22	C-T-----A-----G-G-----C-G-----	2103
CBL23	-----A-A-----G-T-C-T-----A-----G-----	2094
CBL24	----G-A-A-----C-T-----A-G-----G-G-----	2115
MDS	---C-----T-----C-----	2145
CAM1	---C-----T-----CA-----G-----C-----G-----	2112
CAM3	---C-----C-----T-----C-----A-----GT-----	2118
CAM4	-----G-T-C-T-----G-----A-----A-----	2118
CAM5	---T-----A-A-----G-G-----C-T-----	2097
CAM6	---GC-----C-----TC-----G-----C-----	2124
KR	---G-A-A-----T-----AC-----	2088
UC2	-----C-----G-----C-----CA-----G-----C-----	2124
5132E2	C-----C-G-----C-----CA-----G-----C-----	447
FA	-----G-----C-T-----A-----	447
GB1222	-GTC-----G-T-----C-----G-----	579
CI171	--T-----G-T-C-T-----	447
CI9	--TA-----A-A-----G-T-----T-----C-----A-----G-T-----	447
ISO53	-----A-C-----T-C-T-----G-----	447
VI390	-----C-G-----C-----G-----T-----	447
VI905	-----G-----C-T-----T-----A-G-----	447
CONSENSUS-B	ATATgTAGTAgcAGGatTAaTAGTgtTAAAGaATAGtAaTATACATTaTgCAGATGCTAGCAAgaCTTAGG	2014
UC1		2121
D205	----A-----G-G-----G-----G-----	2118
EHOA	----A-----AT-----A-G-----A-----C-----A-----G-----	2106
GH2	-----GC-----C-----G-----G-----	933
JA	-----G-----A-----A-----A-----A-----	447
ON	-----C-----A-----G-----G-----	447
CONSENSUS-C	TTATATAGTAGCAGGGATAATAGTGTAAAGAATAGCTATCTATGAGTACAATGTTAATGAGACTTAGG	447
2238		447
CONSENSUS-D	CTTCATAGTAGTAGGTATAATCTGTAAAGAATAATAATCTATGAGTACAATGTTAGCTAAGTTAAGT	447
F0784		447
CONSENSUS-SD	?cttaTAGTT?TAGGAGTAaTAgggTTAAGAATAGTgATAATG-TAGCTaCaaATG-TAGCTAGGTTAAGa	2137
MM251	TTA-G-----G-----CT-----C-A-----C-----A-----G-----	2160
MM32H	TTA-----G-----CT-----C-A-----C-----A-----	2151
MM1A11	TTA-----G-----CT-----A-C-----A-----C-----A-----G-----	2151
MM316ZQ	TTA-----G-----CT-----A-C-----A-----C-----A-----G-----	2154
MM132ZL	TTA-----G-----CT-----C-A-----C-----A-----G-----	2154
MM239	TTA-----G-----CT-----C-A-----C-----A-----G-----	2154
MM142	TTA-----A-G-----CT-----C-A-----C-----	2163
MNE	TTA-----G-----CT-----C-A-----C-----A-----G-----	2160
P209C19	A--A-----T-----G-----A-----G-G-----	2175
P209C15	A--A-----T-----G-----A-----G-G-----	2175
SMMPBJ	A--G-----C-----A-----G-G-----	2184
SMMH9	A--G-----C-----A-----G-G-----	2175
SMMH4	A-----C-----A-----G-----	2172
SM62A	A--AG-----T-----G-----A-----G-G-----	2175
SMMB670	G-----C-----G-----G-----	2166
CONSENSUS-STM	ATATTTAGTTATAGGA?TAGTAATGTTAAGAGTAGCAATCTAT?TA?TGCAA?TGTTAGCTAGGCTTAGG	2133
STM	-----T-----A-A-----T-----	2163
STMAK3	-----A-----G-G-----A-----	996
CONSENSUS-A	ttataTAgtAGaaTaaTAGcttTaAGAAATAgtaaTaTAtgTAGTaCaaaTgtTAAAGTAGAcTtAGa	2027
BA_7312A	-----G-----C-C-----G-A-----A-G-----	447
CONSENSUS-U	TTATGAGTAGTAGGAATTATAGG?TTAAGAATA?TAGTCTACTTAATACAATTATT?GGTAAGC?TAGG	433
SMCI2	-----G-----A-----A-----T-----	447
SMCI8	-----A-----G-----G-----A-----	447

HIV2/SIV ENV

		\ / 3' sj	\ / 3' sj	
CONSENSUS-A	AagGGCTATAGGCCGTGTTCTCttCCcCcCCcGgTTAtaTcCAACAGaTCCAtATCCAcaaggAccgGG	<- premature stop in some SIVs		2097
ROD	-----	-----	-----	2182
NIHZ	-----	C-----	A-----	2155
ALI	-----	-C---T---C-	-A-----	2173
ISY	-----	-----T-----	T-----	2158
ST	-----	C---CT-----	-----	2164
BEN	-----	C-----	-----	2179
D194	-----	C-----C-----	C---A---	2152
CAM2	-----	-C---T-----	-C-----	2185
CAM2BR	-----	-C-----	C-----	2191
GH1	-----	T-----C-----	C-----	2155
CBL21	-----	C-----T-C---C-----G-----	C-----	2185
CBL22	-----	-----G-----	T-----	2173
CBL23	-----	-----CC-----	T-----	2164
CBL24	-----	-----CC-----	TCG-C---T-----	2185
MDS	-----	-----	-----	2215
CAM1	-----	T-----	T-----	2182
CAM3	-----	-----	A-----	2188
CAM4	-----	T-----C-----	C---T-C---AA-----	2188
CAM5	-----	C-----C-----	-----TT-----	2167
CAM6	-----	C-----	T-----	2194
KR	-----	-----	T-----	2158
UC2	-----	C-----C-----	T-CA-----	2194
5132E2	---	-----	-----	450
FA	-G-	-----	-----	450
GB1222	-----	C-----	A-----	649
CI171	-G----	-----	-----	453
CI9	-----	-----	-----	453
ISO53	-G----	-----	-----	453
VI390	-----	-----	-----	453
VI905	-G----	-----	-----	453
CONSENSUS-B	AAGGGCTATAGGCCAGTATTcTCCTCCCCCTCCCTCTTACTCAACAGATCCCTATCCGCAAAGgaCCGGG	2084		
UC1	-----	-----	AC-----	2191
D205	-----	-----	-----	2188
EHOA	-----	-----	-----	2176
GH2	-----	T-----	G-----	1003
JA	---	-----	-----	450
ON	---	-----	-----	450
CONSENSUS-C	AAGGGC	453		
2238	-----	-----	453	
CONSENSUS-D	AAG	450		
F0784	---	-----	450	
CONSENSUS-SD	CAgGGtTATAGGCCAGTGTCTCTCCCCtCCcgCTTaTgTtcAGAtcCcTatCca?aaGGgcCaGG	2206		
MM251	-----G-----A---T---T-C---T---CT-A---C---AC---A---C-----	2230		
MM32H	-----G-----A---T---T-C-----C---A-----AC---A---C-----	2221		
MM1A11	-----G-----A---T---T-C---T---C---A-----AC---A-----	2221		
MM316ZQ	-----G-----A---T---T-C-----C---A-----AC---A---C-----	2224		
MM132ZL	-----G-----A---T---T-C-----C---A-----AC---A---C-----	2224		
MM239	-----G-----A---T---T-C-----C---A-----AC---A---C-----	2224		
MM142	-----G-----A---T---T-C---T---C---A---C---AC---AT---C-----	2233		
MNE	--A-G-----A---TT-----T-C---T---C---A-----GAC---A-----	2230		
P209C19	-----	-----C-----	-----	2245
P209C15	-----	-G-----C-----	-----	2245
SMMPBJ	-----	-----	-G-C-----	2254
SMMH9	-----	R---Y-----	Y-R-C-----	2245
SMMH4	-----	-----	C-----	2242
SM62A	-----	-----	C-----	2245
SMMB670	--A-----	-----	C-----	2236
CONSENSUS-STM	AAAGGTTAT?GGCC?GTGTTCTCTCCCCCTCC?TCTT?TC?TCAGCAGATCC?TATCCACAAGGGCCAGG	2197		
STM	-----C-----T-----C---G---G-----C-----	2233		
STMAK3	-----A---A-----T---A---A-----T-----	1066		
CONSENSUS-A	AagGGCTATAGGCCGTGTTCTCttCCcCcCCcGgTTAtaTcCAACAGaTCCAtATCCAcaaggAccgGG	2097		
BA_7312A	-GA	450		
CONSENSUS-U	AAG	436		
SMCI2	---	450		
SMCI8	---	450		

CONSENSUS-A	aACAGCcagcCAgaGaAGaAACAGAaGAGACGttgGagaCaaCg?TGGagaCag?T??TggCCtTggCc	2163
ROD	G-----AC-----G-----AG-----G-----A-AC-----C-----	2252
NIHZ	-----A-----G-----AG-----G-----A-CT-----	2225
ALI	-----A-----G-----T-----G-----A-TG-----C-----	2243
ISY	-----A-----GA-G-T-----AG-----A-CC-----	2228
ST	-----A-----G-----T-----AT-GG-----C-----	2234
BEN	G-----AC-----G-----C-----G-G-----AG-----TT-----GAC-TG-----	2249
D194	G-----AC-----CC-----G-----AG-----TTT-G-C-TG-----	2222
CAM2	-----C-----G-----G-----G-----A-CC-----A-----	2255
CAM2BR	-----C-----G-----G-----G-----A-CC-----A-----	2261
GH1	G-----AC-----G-----ACA-----G-----A-----TT-----GAC-TG-A-----	2225
CBL21	G-----C-----C-----G-----T-----C-CC-----A-----	2255
CBL22	-----A-----G-----C-----AG-----C-CC-----A-----	2243
CBL23	-----A-----T-----C-----TG-----A-----	2234
CBL24	-----A-----G-----T-----GAC-----C-TG-----	2255
MDS	-----A-----G-----G-----G-----A-CT-----C-----	2285
CAM1	-----T-----AG-----T-----A-TC-----C-----	2252
CAM3	-----C-A-----CAT-----G-----A-CC-----	2258
CAM4	-----G-----T-----C-----TG-----	2258
CAM5	-----AC-G-----G-----A-----C-----AC-CC-----C-----A-----	2237
CAM6	-----AC-----G-----A-----G-----T-----A-CT-----C-----	2264
KR	-----A-----C-----CC-----A-----G-AT-----C-CG-----	2228
UC2	G-----G-----AC-----G-----CC-----GC-AG-----CT-----GAC-TC-----	2264
GB1222	-----A-----AG-----T-----A-TC-----C-----	719
CONSENSUS-B	GACAGCCAGCCAACGAAGAAACAGAAAGGAAcGgAGGTGGAAacgAcGgGGgcTACAGATCtTGGCCCTGGCA	2154
UC1	-----C-A-----A-----CT-----	2261
D205	-----A-----A-----C-----	2258
EHOA	-----A-----A-----	2246
GH2	-----G-A-----	1073
CONSENSUS-SD	aaCtGCCAACCAaAGAAGGagaAgAAgGAGAcGGTGGAGacaGaGGTGGCAaCAGaTCTTGGCCTTgGCA	2276
MM251	C-----G-----CA-----AG-C-----C-C-----	2300
MM32H	C-----G-----CA-----AG-C-----C-C-----	2291
MM1A11	C-----G-----CA-----AG-C-----C-C-----	2291
MM316ZQ	C-----G-----CA-----AG-C-----C-C-----	2294
MM132ZL	C-----G-----CA-----AG-C-----C-C-----	2294
MM239	C-----G-----CA-----A-----AG-C-----C-C-----	2294
MM142	CT-----CA-A-----G-C-----C-C-----	2303
MNE	C-----AC-----G-----C-----C-C-----	2300
P209C19	---C-----A-----G-----	2315
P209C15	---C-----A-----G-----	2315
SMMPBJ	-----G-----	2324
SMMH9	-----R-----R-----	2315
SMMH4	---C-----G-----	2312
SM62A	---C-----A-----G-----	2315
SMMB670	---C-----G-----G-----	2306
CONSENSUS-STM	AACAGC?AACCAAAGAAGGAACAGAAGAAGGAGGTGGAGACAGAGGTGGAATCAACTCCTGGCCTTGGCA	2266
STM	-----C-----	2303
STMKA3	-----T-----	1098

HIV2/SIV ENV

	<- tat	
CONSENSUS-A	gaTagcatatatacattcctgatccgcctgtgattcgctcttaccggactataaacatCTGCAgg	2233
ROD	-----A-----A-----G-----	2322
NIHZ	-----G-----	2295
ALI	---C----T-----A-----AGC-----T---G---G-----G-----	2313
ISY	-----A-----C-----A-----G-----	2298
ST	-----AG-----A-----A-----A-----A-----	2304
BEN	A---AAC---G-G---G-----A---A---C-----T---G-----A-----	2319
D194	AC---AAC---C---A-----A---A---C-----G-----G-----	2292
CAM2	-----A-----A-----C-----	2325
CAM2BR	-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	2277
GH1	-----AAC-----A---A---C-----G-----G-----A-----	2295
CBL21	-----C-----TT-----A-----	2325
CBL22	-----AG-----A---AG-----TT---G-----G---G-----	2313
CBL23	-----AG-----A---A-----	2304
CBL24	-----A-----T-----	2325
MDS	-----A-----G-----G-----	2355
CAM1	-----C-----A-----G-----	2322
CAM3	-----C-----C-----A-----G-----	2328
CAM4	-----CC-G-----A-----A-----G---G-----	2328
CAM5	-----AG-----A-----G-----	2307
CAM6	-----A-----A-----G-----G-----	2334
KR	A-----A-----G-----G-G-----A-----	2298
UC2	-----AAC---C-----GC-----A-----C---T-----T---G-----G-----	2334
GB1222	-----A-----G-----T-----G-----G-----	789
CONSENSUS-B	GATaGAATACatTCAcTTtCtg?TtCGCCA?CtGAGGaACCTCTTgATTGGCTaTACAaCgGCTGCAGa	2222
UC1	-----GC-----A-----A-----G-----G-----G-----	2331
D205	-----T-----AC-G-----G-----A-----	2328
EHOA	---C-----C-C-A-----A-----G-----G-----	2316
GH2	-----C-A-----G-C-----A-----C-----	1143
CONSENSUS-SD	GATAGAATATATTCAATTCCCTgATcCGCCAacTgAtaCGCCTTGAATTGGcTATTCAAGCAacTGCAGa	2346
MM251	-----	2370
MM32H	-----	2361
MM1A11	-----	2361
MM316ZQ	-----	2364
MM132ZL	-----	2364
MM239	-----	2364
MM142	-----	2373
MNE	-----A-----T-----	2370
P209C19	-----A---T-----G-----G-----	2385
P209C15	-----A-----G-----G-----	2385
SMMPBj	-----GT-----GT-----	2394
SMMH9	-----G-----GT-----G-----	2385
SMMH4	-----GT-----G-----G-----	2382
SM62A	-----A-----G-----G-----G-----	2385
SMMB670	-----GT-----T-----G-----	2376
CONSENSUS-STM	AATAGAATATACTCATTTCCCTGATCCGCCAGCTAGTACGCTCTTGACTTGGCTGTACAACAACTTCAGG	2336
STM	-----	2373

CONSENSUS-A	gaCTTAcTATCCagga?cttcc?gaccCtCcaacc?atcttcaga?tct?????????????aca?c??	2283
ROD	-----G-----T-----TC----A---A--C-----.	2373
NIHZ	-----T--C--C--T-----A-----G---CCAGAGAGCACTA---G-AA	2365
ALI	-----T---TC--T-----G-----G---TCAGAGAGCGCTG---A-AA	2383
ISY	-----A.....-----T-C-TG---C---ACCA---C.....	2337
ST	-----G---A-----TA---C---G---TCGGAGAGCATTG---G-AG	2374
BEN	-----A--A--C--C---G--TG---C---G--A.....-----G-AA	2377
D194	-G-----A--A--C--C---G--TG---C---G--A.....-----G-AA	2350
CAM2	A-----T---A-----C---C---A---C.....	2376
CAM2BR	A-----T---A-----C---C---A---C.....	2328
GH1	-----C--A--C--C---A--G--TG---C---A---A.....-----G-AA	2353
CBL21	AC---A-----A--G---A-----A---C---GG---TCAGAGAGCACTG---G-AA	2395
CBL22	-----G---T---T-----G-A.....	2352
CBL23	A-----T-C---T-----G---AG-T-----G---TCAGAGGGCACTG---G-AA	2374
CBL24	-----G-C---T---T-----A---C---G---CCAGAGAGCACTA---G-AA	2395
MDS	-----T---T-----C-----A---C.....	2406
CAM1	-----T---T-----C---C---A---C.....	2373
CAM3	-----G---T-----A-----A---C.....	2379
CAM4	-----G---C-----AGAGCA.....CTG---G-GA	2377
CAM5	A-----A--G---T-----TA.....	2346
CAM6	-----G---T-----C---C---A---C.....	2385
KR	-----G---C-----TA-----G---TCAGAGAGCACTA---A-AA	2368
UC2	-GC--A--C--C---G--G--TG---C---A---G.....-----G-AA	2392
GB1222	A-----T---T-----G---C-----A---C.....	840
CONSENSUS-B	AcCTTAcTgTtgAAGACCTtCCaAA?CCTCCAAcCcA?ta?????????CTCCAA.....	2265
UC1	-A-----C-----T-----GC.....	2376
D205	-----T-----C-A-A-CTCAACCAAT-----.	2382
EHOA	-----T-A-CA-----C-----G.....	2361
GH2	-----G---C-----A-----.	1188
CONSENSUS-SD	accTggCTaTtGAGaa?aTaCCAgAtcCTCCAAcCAGTgcTCCAGAG?cTCTc?acGAc?cTaCagAGag	2412
MM251	-----T---C---GC-----A-A-----G-----TG---C---GA--G-	2440
MM32H	-----T---C---GC-----A-A-----G-----TG---G-C-----A	2431
MM1A11	-----T---C---GT-----A-A-----G-----TG---C---GA--GA	2431
MM316ZQ	-----T---C---GT-----A-A-----G-----TG---C-----GA	2434
MM132ZL	-----T---C---GT-----A-A-----G-----T---C-----GA	2434
MM239	-----T---C---GT-----A-A-----G-----TG---C-----GA	2434
MM142	-----T---C---GC-----A-AT-----G-----TG---C---G---A	2443
MNE	-----T---C---GC-----A-AT-----AT-----C-----C-----A	2440
P209C19	GAT-----G-GC-----A-----A-----G---G---A-----	2455
P209C15	GAT-----G-TC-----A-----A-G---G---G---A-----	2455
SMMPBj	GAT-----G-AC-G---A-C-----G-----C-----A-G---G---G-----	2464
SMMH9	GAT-----G-NC-G---A-----G-----C-----A-G---G-G-----	2455
SMMH4	GAT-----G-GC-----C-----A-----GT-G---A-----	2452
SM62A	GAT-----G-GC-----T-----C-----A-----G---G---A-----	2455
SMMB670	-----T---C---T-----T-----A---TCT-----TA-----A	2446
CONSENSUS-STM	GCTTGTCTATCCAGGATCTACCAGACCCCTCCACCCAACCTCCAAAGGATCTCCAGGATACTGCAGAGAA	2406
STM	-----.	2443

HIV2/SIV ENV

	nef cds ->	
CONSENSUS-A	tcAGaGACTgGctgaGacttaaagcaGCctaccTgCAaTATGGGtGCgAGTGGATCCAAGaAGcgtTCCa	2353
ROD-----G-A-----T-T-----A-----	2441
NIHZ	-----G-----G-----	2435
ALI	----G-----G-----	2453
ISY	..-----C-G-----G-----	2405
ST	-----T-----CA-----G-----G-----	2444
BEN	----G-----G-G-C-A-----T-----	2447
D194	-----G-----G-G-----	2420
CAM2-----G-C-----T-----T-----	2444
CAM2BR-----G-C-----T-----T-----	2396
GH1	----G-----G-----G-----A-----	2423
CBL21	-----C-GGG-----	2465
CBL22	...-----G-----G-----T-----G-----G-----	2420
CBL23	-----A--AC-G-C-----T-----G-----G-----	2444
CBL24	-----G-----G-----G-----CC-----	2465
MDS-----CA-----C-----G-AT-----T-----A-----	2474
CAM1-----T-----GC-----GTA-----T-----	2441
CAM3-----G-A-----T-----C-C-----	2447
CAM4	-----T-----G-----G-----	2447
CAM5	...-----G-----A-----CA-----T-T-----	2414
CAM6-----G-A-----T-----	2453
KR	----G-----C-AT-----T-----T-C-----	2438
UC2	----G-----G-G-----T-----	2462
GB1222-----C-----G-A-----T-T-----A-----	908
CONSENSUS-BCCgCTCAGGCT?cc??tTGC?TACCTCCAgTATGGGATCagCTGGTTCCAAGAaGC? ?TCC?	2320
UC1-----TT-AC-----A-----AA-----A-----	2438
D205-----A-----C-GG-----G-----GC-----G-----	2444
EHOA-----T-----ACC-----A-----GA-----AA-----A-----	2423
GH2-----C-TGG-----G-----GA-----G-GC-----G-----	1250
CONSENSUS-SD	ttCGaGAAGTc?TCAGgatTgAaaTaaCCTACCTaCAaTATGGGTGgaGcTattTCCAAaGAaGCgGtcCA	2481
MM251	-----C-----C-----C-G-----T-----G-----	2510
MM32H	-----C-----C-----C-G-----G-----G-----	2501
MM1A11	-----C-----C-----C-G-----A-----T-----G-----	2501
MM316ZQ	-----C-----C-----C-G-----T-----G-----	2504
MM132ZL	-----C-----C-----C-G-----T-----G-----	2504
MM239	-----C-----C-----C-G-----T-----G-----	2504
MM142	-----C-----C-----C-G-----	2513
MNE	-C-----C-----C-----C-----G-----	2510
P209C19	-----T-----A-----A-----G-----A-G-----	2525
P209C15	-----T-----A-----A-----G-----A-G-----	2525
SMMPBJ	CC-----T-----A-----AG-C-G-G-----G-----C-T-CC-----A-CG-----	2534
SMMH9	CC-----T-----A-----AG-G-----G-----C-T-CC-----A-CG-----	2525
SMMH4	-C-----T-----A-----A-----G-----C-----A-A-----	2522
SM62A	-----T-----A-----A-----C-----A-A-----	2525
SMMB670	-C-----TG-----C-----G-----T-----G-----CC-----GG-----	2516
CONSENSUS-STM	TTAGAGAAGTCGTCAACTAGGAGCAGCCTATTACAGTATGGGTGCATCTGGATCCAAGAACAGCGCA	2476
STM	-----	2513

CONSENSUS-A	gGccttcgcaAgggcTaC gagAGAgACtcTTgCgggCgcgtGgaGgggctTgTGggggca?tgggacg?	2421
ROD	-----GC---G-----A-----C-----A---T-T---A---A	2511
NIHZ	A---C-T-----A---A-----A-----G-----A-A-----A-----GC--CA---A	2505
ALI	-----T-----AT-G-----G-----A AAA-A-C-----A-A-----A-----A-CAGT-G	2523
ISY	-----C---G-----T---A-----A-A-----G-----A-----TC-----A	2475
ST	A-----G-----G-----A AAA-C-----A-----C-----A-C-----AA	2514
BEN	A-----A-----G-----A-----G-AT-G-----A-A-----AA-----GC-C---C	2517
D194	A-----A-----A-G-----A-----G-----A-T-AA-----GC-CA---C	2490
CAM2	-----GCT-----G-A-----C-----A-G-----AATGT-ACA---C	2514
CAM2BR	-----GCT-----G-A-----C-----A-----AA-TGT-ACA---C	2466
GH1	A-----A-----A-A-----A-----A-G-----G-----A-T-CA-----G-----CA---C	2493
CBL21	A-----G-----A-----A-AA-----TC-----AAA-----C-T-----A-A-----G-AA	2535
CBL22	-----AATT-----A-----A-----A-----G-----C-----C-CAG-G	2490
CBL23	-----A-----A-----A-----A-----A-----C-----C-CAG-G	2514
CBL24	A-----C---A-----AC-----A-----AA-----C-----C-CAG-C	2535
MDS	-----G-----T-----A-----A-----A-----C-----A-T-----A	2544
CAM1	A-----GG-----A-----G-A-----A-----A-----C-----A-----A-----A	2511
CAM3	-----G-----A-----A-----AA-----C-----A-----A-----T-----ACAAT	2517
CAM4	A-----T-----A-----G-----C-----AA-----A-----A-----A-----A	2517
CAM5	-----G-----C-----A-----A-----AG-C-----A-C-----A-----T-----A	2484
CAM6	-----G-----ATT-G-A-----A-----C-----A-----A-C-----T	2523
KR	--T-C-T-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----G	2508
UC2	A-----AA-----A-----G-----G-----A-TAA-----G-----CAG-C	2532
GB1222	-----GC-----G-----A-----C-----C-----A-----T-----A-A	978
CONSENSUS-B	AGCaGCAgCaAGGGcT?CG?GAGAgACTCTTGCAG?gCgGga??gaCCtaTGGga?g??CTCAGgAG?	2381
UC1	-----A-G-----G-----A-----ACA-----A-----AGAG-----C-----A-A-CT-----A-G	2508
D205	-----G-----A-----G-----A-----T-----C-----GA-----G-----CT-----A	2514
EHOA	-----C-----G-----G-----C-----CGAG-----CG-----GA-TC-----A	2493
GH2	-----T-----A-----A-----T-----GA-----C-----GATC-----G	1320
CONSENSUS-SD	ggccgg?tgGAgatcTGcg?gAGAgACtCTTGCgaGCGCGTGggGAGactTATGGGAGaCTCTgggaAGg	2549
MM251	A-----C-----AC-----A-----G-----A-----TA-G-----A	2580
MM32H	A-T-----C-----AC-----A-----G-----A-----TA-G-----A	2571
MM1A11	--T-AC-----AC-----G-----A-----A-----G-----TA-G-----A	2571
MM316ZQ	-----TC-----AC-----G-----A-----A-----TA-G-----A	2574
MM132ZL	-----TC-----AC-----G-----T-----A-----TA-G-----A	2574
MM239	-----TC-----AC-----G-----A-----TA-G-----A	2574
MM142	A-----CCCA-----AC-----G-----A-----G-----TCA-----A	2583
MNE	A-T-----CC-----AC-----G-----A-----A	2580
P209C19	---GT-G-----A-----T-----C-----A-----A-----A-----A	2595
P209C15	---GT-G-----A-----T-----C-----A-----A-----A-----A	2595
SMMPBJ	---GT-G-----A-----T-----TAC-----A-----A-----A-----A	2604
SMMH9	RRG-T-G-----A-----T-----YRC-----A-----A-----A-----A	2595
SMMH4	A-----GT-G-----A-----CT-----C-----A-----A-----A-----A	2592
SM62A	---GT-G-----A-----T-----C-----A-----A-----A-----A	2595
SMMB670	A-----A-----A-----GG-----G-----A-----A-----A-----A	2586
CONSENSUS-STM	AGCAGCATGGAGAGCTGCGGGAGAGACTCTTGCAGCGCGGGAGAGACTTATGGAAACTCTTGAAGG	2546
STM	-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A	2583

HIV2/SIV ENV

CONSENSUS-A	aTcGGgAGgggaATaCTtgcagTcCCAAaGaAGgATCAGgCAgGGaGCAGAaaTcgCcCTCcTgTGA	2487
ROD	-----C--G--T-----A-----	2574
NIHZ	-----G-----C-----C-----	2568
ALI	G-----A-G-----C-----G-----G-----T-----	2589
ISY	-----A-----G-----C-----T-----C-----T-----	2538
ST	--T-----G-----	2577
BEN	-----C-----T-----A-----C-----	2580
D194	-----C-C-----	2553
CAM2	--T--A-----C-----G-----A-----C-----T-----	2577
CAM2BR	--T--A-----TG-----A-----C-----T-----	2532
GH1	G-----C-----A-----G-----	2556
CBL21	--T-----C-C--A-----GC-----	2601
CBL22	----A-----A-----T-C-----A-----G-----	2556
CBL23	-----A-----A-----G-----A-----	2580
CBL24	-----C-----A-----C-----	2601
MDS	--T-----C-G-----A-A-G-----G-----	2610
CAM1	--T-----G-----G-----C-----T-----	2577
CAM3	T-T-----T-A-----A-----G-----	2583
CAM4	C-----A-G-----C-----	2583
CAM5	--T-T-----C-----T-----G-A-----C-----	2550
CAM6	--T-----C-GA-----A-----G-----	2589
KR	----C-----T-----G-----C-T-----	2574
UC2	-----C-C-----G-----	2598
GB1222	--T-----C-----G-----A-----G-----A-----	1044
CONSENSUS-B	?cgGCgggAGc?ATCaTcGCgATcCCCAGGAG?ATCAGACAAgGactTGAACCTCgCCCTCTGTGA	2444
UC1	A-A-----A-----A-----G-----	2571
D205	G-----A-----A-----A-----A-----	2577
EHOA	G-----A-----AG-----T-A-A-----G-----GGC-----	2559
GH2	AT-----G-----G-----A-----A-----A-----	1383
CONSENSUS-SD	GtTGGAAAGatGgaTaCTcGCAATCCCTaGgaGgaTcAggCAAGGgcTtGAgCTcaCtCTCtTgTGA	2615
MM251	-G-----C-----T-----G-----	2643
MM32H	-G-----T-----A-----	2634
MM1A11	-G-----C-----A-T-A-----	2634
MM316ZQ	-G-----C-----T-----A-----	2640
MM132ZL	-G-----C-----T-----A-----	2627
MM239	-G-----C-----T-----A-----	2637
MM142	-G-----C-----T-----A-----	2646
MNE	-----A-----C-----T-----	2643
P209C19	-----G-----C-CG-----G-----	2661
P209C15	-----G-----C-CG-----	2661
SMMPBJ	-----GG-A-----A-AC-C-----	2667
SMMH9	-----GG-A-----MR-AC-C-----	2658
SMMH4	-----G-----C-C-----	2655
SM62A	-----G-----C-C-----T-----	2661
SMMB670	-----G-----T-----G-----T-A-----AT-G-A-TG-A-C-C-----	2652
CONSENSUS-STM	GTTGGGAGAAGGATCGGGGCCATCCAAGGCGCATCAGACAAGGGCTTGAACTCACACTCTTG	2609
STM	-----	2646